

L2 ANSWER 1 OF 1 WPINDEX COPYRIGHT 2006 THE THOMSON CORP on STN  
AN 1999-528981 [45] WPINDEX Full-text  
DNC C1999-155765  
TI Human nucleic acid sequences and protein products from tumor breast tissue, useful for breast cancer therapy.  
DC B04 D16  
IN DAHL, E; HINZMANN, B; PILARSKY, C; ROSENTAHL, A; SCHMITT, A; SPECHT, T; ROSENTHAL, A  
PA (META-N) METAGEN GES GENOMFORSCHUNG MBH; (META-N) METAGEN PHARM GMBH  
CYC 21  
PI DE 19813839 A1 19990923 (199945)\* 188 C07K014-435 <--  
WO 9947669 A2 19990923 (199947) GE C12N015-12  
RW: AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE  
W: JP US  
EP 1064379 A2 20010103 (200102) GE C12N015-12  
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE  
JP 2002506643 W 20020305 (200220) 506 C12N015-09  
EP 1236799 A2 20020904 (200266) GE C12N015-12  
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE  
US 2003235915 A1 20031225 (200408) C12N015-85  
ADT DE 19813839 A1 DE 1998-1013839 19980320; WO 9947669 A2 WO 1999-DE908 19990319; EP 1064379 A2 EP 1999-924683 19990319, WO 1999-DE908 19990319; JP 2002506643 W WO 1999-DE908 19990319, JP 2000-536852 19990319; EP 1236799 A2 Div ex EP 1999-924683 19990319, EP 2002-90142 19990319; US 2003235915 A1 Div ex US 2000-646673 20000920, US 2002-131410 20020425  
FDT EP 1064379 A2 Based on WO 9947669; JP 2002506643 W Based on WO 9947669; EP 1236799 A2 Div ex EP 1064379  
PRAI DE 1998-19813839 19980320  
IC ICM C07K014-435; C12N015-09; C12N015-12; C12N015-85  
ICS A61K031-711; A61K038-00; A61K038-17; A61K048-00; A61P035-00; C07H021-04; C07K014-47; C07K016-18; C12N001-19; C12N001-21; C12N005-06; C12N005-10; C12N015-11; C12N015-62; C12N015-63; C12P021-02; G01N033-50  
AB DE 19813839 A UPAB: 19991122  
NOVELTY - Human nucleic acid sequences from tumor breast tissue are new.  
DETAILED DESCRIPTION - A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene product comprises:  
(a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 32 sequences (fully defined in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II).  
INDEPENDENT CLAIMS are also included for: (1) a nucleic acid sequence (68 sequences fully defined in the specification), characterized in that it has increased expression in tumor breast tissue;  
(2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as vehicles for gene transfer;  
(3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together with at least a control or regulatory sequence;  
(5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above;  
(7) a process for manufacturing a polypeptide or fragments, characterized in that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above;  
(9) a polypeptide partial sequence having one of 60 sequences (fully defined in the specification); and (10) a genomic gene, its promoter, enhancer, silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA having one of the 68 sequences.



ACTIVITY - Cytostatic.

MECHANISM OF ACTION - Gene Therapy.

USE - The nucleic acid sequences can be used to produce and isolate full-length gene sequences. They can be used to express proteins, which can be used as tools to find an activity against breast cancer. The sequences can be used in sense or antisense form. They are especially useful for medicaments for gene therapy to treat breast cancer. A total of 77 sequences given in the specification can be used for production of medicaments for treatment of breast cancer (all claimed). Dwg.0/5

FS CPI

FA AB; DCN

MC CPI: B04-C01; B04-E02F; B04-E04; B04-E06; B04-E08; B04-F0100E; B04-G05;  
B04-N04A; B11-C08E5; B12-K04A1; B12-K04E; B14-H01; B14-S03; D05-C12;  
D05-H11; D05-H12B1; D05-H12D2; D05-H14; D05-H17B6





⑯ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND  
  
DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑯ Offenlegungsschrift  
⑯ DE 198 13 839 A 1

⑯ Aktenzeichen: 198 13 839.3  
⑯ Anmeldetag: 20. 3. 98  
⑯ Offenlegungstag: 23. 9. 99

⑯ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 14/435**  
C 12 N 15/11  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
C 07 K 16/18  
A 61 K 38/17  
// (C12N 1/21,C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 13 839 A 1

⑯ Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

⑯ Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑯ Erfinder:

Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,  
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,  
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,  
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474  
Schönenfeld-Weißen, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,  
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.  
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

- ⑯ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe  
⑯ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen  
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 839 A 1

# DE 198 13 839 A 1

## Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotiden lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfundungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23-25, 27, 31, 36, 38, 39, 42-44, 46-48, 50-53, 55-59, 61-63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfundungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBlu-

# DE 198 13 839 A 1

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRITS (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pwLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, IISV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomiche oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomiche Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Splicingvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomiche BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomichen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomichen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5

10

15

20

25

30

35

45

50

55

60

65

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomiche Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

# DE 198 13 839 A 1

## Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich  
maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen  
5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

## Erklärung der Abbildungen

- 10 **Fig. 1** zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.  
**Fig. 2a** zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.  
**Fig. 2b1–2b4** zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.  
**Fig. 3** zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.  
**Fig. 4a** zeigt die Bestimmung der gewebspezifischen Expression über elektronischen Northern.  
15 **Fig. 4b** zeigt den elektronischen Northern.  
**Fig. 5** zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.  
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfundung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

## Beispiel 1

20

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per 25 read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle 30 übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

35 **Fig. 2b1–2b4** veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, 40 die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens 45 fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) 65 Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen.

5

Das Ergebnis ist wie folgt:

### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843	
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	20
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025	25
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0 8939	
Uterus	0.0093	0.0000	undef 0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			45
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0228			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0082			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			

65

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

- 5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5					
	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
15	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
20	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
65	Sinnesorgane	0.0000			

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. 5

Das Ergebnis ist wie folgt:

### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		10
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	15
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267	20
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373	
Magen-Speiserhoehe	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	25
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	30
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
 FOETUS					
	%Haeufigkeit				40
Entwicklung	0.0154				
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0041				45
Lunge	0.0111				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0068				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Nortern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0196	0.2039 4.9053
	Eierstock 0.0182	0.0156	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0219	0.0409	0.5358 1.8663
	Gastrointestinal 0.0174	0.0238	0.7328 1.3646
10	Gehirn 0.0534	0.0526	1.0160 0.9842
	Haematopoetisch 0.0154	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0398	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz 0.0519	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0224	0.0378	0.5926 1.6876
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett 0.0411	0.0300	1.3704 0.7297
	Niere 0.0297	0.1232	0.2412 4.1459
20	Pankreas 0.0076	0.0276	0.2743 3.6460
	Penis 0.0389	0.0267	1.4600 0.6849
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215 1.6091
	Uterus 0.0248	0.0356	0.6963 1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0218		
	Duenndarm 0.0156		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
30			
	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointenstinal 0.0216		
35	Gehirn 0.0188		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0368		
	Lunge 0.0481		
	Niere 0.0124		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0204		
	Eierstock-Uterus 0.0320		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0414		
50	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0171		
	Haut-Muskel 0.0745		
	Hoden 0.0312		
	Lunge 0.0082		
55	Nerven 0.0241		
	Prostata 0.0321		
	Sinnesorgane 0.0077		
60			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495	
Brust	0.0067	0.0174	0.3822 2.6162	5
Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233 4.4791	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964 0.3230	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0137	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138 1.4010	
Niere	0.0030	0.0342	0.0868 11.5165	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246 0.6155	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
				30
	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0188			35
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0093			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			50
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0291			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID: NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
50	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	10
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0122	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			25
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
		Brust 0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
		Eierstock 0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
10	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0314	0.0230		1.3639	0.7332
	Haematopoetisch 0.0196	0.0378		0.5175	1.9325
	Haut 0.0199	0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0388		0.1275	7.8416
	Herz 0.0328	0.0275		1.1947	0.8371
15	Hoden 0.0183	0.0351		0.5224	1.9144
	Lunge 0.0149	0.0284		0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0460		0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0480		0.4639	2.1554
	Niere 0.0208	0.0205		1.0130	0.9871
20	Pankreas 0.0246	0.0055		4.4569	0.2244
	Penis 0.0449	0.0267		1.6846	0.5936
	Prostata 0.0167	0.0383		0.4350	2.2987
	Uterus 0.0231	0.0214		1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie 0.0109				
	Duenndarm 0.0125				
25	Prostata-Hyperplasie 0.0357				
	Samenblase 0.0356				
	Sinnesorgane 0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0165				
30		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0307				
	Gastrointenstinal 0.0247				
	Gehirn 0.0375				
35	Haematopoetisch 0.0118				
	Herz-Blutgefaesse 0.0204				
	Lunge 0.0296				
	Niere 0.0185				
	Prostata 0.0249				
40	Sinnesorgane 0.0279				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0068				
45	Eierstock-Uterus 0.0068				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0093				
	Gastrointestinal 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0114				
	Haut-Muskel 0.0097				
50	Hoden 0.0078				
	Lunge 0.0082				
	Nerven 0.0100				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0155				

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0139	0.0281	0.4959 2.0163	5
Brust 0.0080	0.0414	0.1931 5.1778	
Eierstock 0.0122	0.0260	0.4674 2.1393	
Endokrines_Gewebe 0.0274	0.0354	0.7728 1.2940	
Gastrointestinal 0.0252	0.0333	0.7561 1.3226	
Gehirn 0.0237	0.0175	1.3547 0.7382	10
Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut 0.0149	0.1693	0.0881 11.3508	
Hepatisch 0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz 0.0381	0.0412	0.9249 1.0812	
Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge 0.0174	0.0615	0.2836 3.5259	15
Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0383	0.2520 3.9685	
Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517 1.0508	
Niere 0.0208	0.0548	0.3799 2.6323	
Pankreas 0.0284	0.0000	undef 0.0000	
Penis 0.0180	0.1066	0.1685 5.9360	20
Prostata 0.0119	0.0213	0.5593 1.7879	
Uterus 0.0116	0.0285	0.4061 2.4622	
Brust-Hyperplasie 0.0109			
Duenndarm 0.0374			
Prostata-Hyperplasie 0.0386			25
Samenblase 0.0356			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
			30
FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0307			
Gastrointenstinal 0.0216			
Gehirn 0.0188			35
Haematopoetisch 0.0079			
Herz-Blutgefaesse 0.0245			
Lunge 0.0259			
Niere 0.0062			
Prostata 0.0748			40
Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust 0.0068			45
Eierstock-Uterus 0.0205			
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0233			
Gastrointestinal 0.0366			
Haematopoetisch 0.0000			50
Haut-Muskel 0.0615			
Hoden 0.0078			
Lunge 0.0164			
Nerven 0.0181			
Prostata 0.0192			55
Sinnesorgane 0.0387			
			60
			65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
50	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
55	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924 0.1100	5
Brust	0.0107	0.0458	0.2330 4.2922	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838 2.0669	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385 25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826 0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554 1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708 3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0185		
	Gehirn	0.0000		35
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
	Lunge	0.0185		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		40
	Sinnesorgane	0.0140		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.1156		45
	Eierstock-Uterus	0.0183		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0041		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0057		50
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0321		55
	Sinnesorgane	0.0077		
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID: NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370 0.2750	5
Brust	0.0160	0.0545	0.2936 3.4065	
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163 0.8958	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0275	0.0771 12.9744	10
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475 2.2349	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0039			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55

DE 198 13 839 A1

Elektronischer Northern für SEQ, ID, NO: 13

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0186	0.0128	1.4548 0.6874
	Brust	0.0093	0.0283	0.3293 3.0366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745 0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414 0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630 1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176 0.8948
15	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286 4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292 1.5892
	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331 0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0534		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointenstinal	0.0308		
	Gehirn	0.0063		
35	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
	Lunge	0.0370		
	Niere	0.0062		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust	0.0204		
	Eierstock-Uterus	0.0114		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0099		
50	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0285		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0110		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0155		

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0261	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465 2.2395	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953 1.0047	10
Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0125	0.0165	0.7524 1.3290	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0149	0.0137	1.0854 0.9213	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9680	20
Prostata	0.0524	0.0341	1.5381 0.6501	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0259			
Niere	0.0247			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0183			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0181			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0285			
Haut-Muskel	0.0324			50
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0705			
				55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0381	0.1435 6.9675
	Gastrointestinal 0.0058	0.0143	0.4071 2.4562
10	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612 0.8612
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0100	0.0165	0.6020 1.6612
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458 1.3409
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0187		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
35	Gehirn 0.0188		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0123		
	Lunge 0.0185		
	Niere 0.0124		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	- Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0122		
50	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0312		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0070		
55	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497	5
Brust	0.0040	0.0240	0.1668 5.9954	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337 4.2786	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499 0.3509	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0448	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	15
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137	
Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798 0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9680	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161 1.9377
15	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898 0.5587
	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointenstinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0245		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0082		
50	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0456		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0050		
55	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	5
Brust	0.0120	0.0763	0.1573 6.3588	
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969 0.3851	
Endokrines Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977 3.3593	
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724 1.1462	
Gehirn	0.0017	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826 2.6139	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405 7.1196	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243 8.0455	
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774 12.9263	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0436			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0247			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0205			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0321			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0240	0.1668 5.9954
	Eierstock 0.0182	0.0078	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0164	0.0245	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0213	0.0190	1.1196 0.8932
	Gehirn 0.0144	0.0186	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0248	0.0065	3.8257 0.2614
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0428	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0199	0.0165	1.2039 0.8306
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
20	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215 1.6091
	Uterus 0.0132	0.0142	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
30	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0062		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0111		
	Niere 0.0185		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0068	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0058	
	Gastrointestinal 0.0488	
50	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0040	
55	Prostata 0.0385	
	Sinnesorgane 0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0067	0.0261	0.2548 3.9243	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741 1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0137	0.2171 4.6066	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281 2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062 0.5536
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587 17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404 0.2110
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800 5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559 0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
			Gastrointestinal	0.0092
			Gehirn	0.0125
35			Haematopoetisch	0.0157
			Herz-Blutgefaesse	0.0041
			Lunge	0.0037
			Niere	0.0000
40			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0000
			Eierstock-Uterus	0.0114
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0029
			Gastrointestinal	0.0000
50			Haematopoetisch	0.0114
			Haut-Muskel	0.0000
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0000
			Nerven	0.0020
55			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509	
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021 1.6609	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0597	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0064	0.0137	0.4624 2.1624	
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef	
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317 7.5943	15
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399 1.1905	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712 1.4899	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0250		35
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0245		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		40
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136		45
	Eierstock-Uterus	0.0297		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0222		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		50
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0064		55
	Sinnesorgane	0.0077		
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock 0.0152	0.0234	0.6492 1.5403
	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0327	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal 0.0291	0.0095	3.0535 0.3275
10	Gehirn 0.0203	0.0252	0.8078 1.2380
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0137	0.0118	1.1588 0.8630
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
15	Niere 0.0327	0.0411	0.7960 1.2563
	Pankreas 0.0114	0.0221	0.5143 1.9446
	Penis 0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0286	0.0234	1.2203 0.8195
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
20	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0187		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0122		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0154
	Gehirn 0.0313
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0368
35	Lunge 0.0111
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0228
	Endokrines_Gewebe 0.0245
45	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0156
50	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270 0.7536	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428 7.0051	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040	20
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077 2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786 1.4737
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871 2.5836
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327 3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481 4.0308
	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0857 11.6673
20	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588 1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0307
			Gastrointenstinal	0.0031
			Gehirn	0.0000
35			Haematopoetisch	0.0118
			Herz-Blutgefaesse	0.0082
			Lunge	0.0037
			Niere	0.0062
40			Prostata	0.0249
			Sinnesorgane	0.0000
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0068
			Eierstock-Uterus	0.0228
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0216
			Gastrointestinal	0.0000
50			Haematopoetisch	0.0000
			Haut-Muskel	0.0648
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0000
			Nerven	0.0050
55			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0067	0.0131	0.5096 1.9621	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419 4.1338	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0064	0.0412	0.1541 6.4872	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0062	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051	
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	20
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0307			
Gastrointestinal	0.0062			
Gehirn	0.0250			
Haematopoetisch	0.0197			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0185			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0558			40
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0080	0.0174	0.4587 2.1801
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
10	Gehirn 0.0034	0.0110	0.3096 3.2295
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3854 2.5949
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0019	0.0221	0.0857 11.6673
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0050	0.0285	0.1741 5.7450
	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung 0.0000	
		Gastrointenstinal 0.0031	
35		Gehirn 0.0000	
		Haematopoetisch 0.0000	
		Herz-Blutgefaesse 0.0000	
		Lunge 0.0037	
		Niere 0.0000	
40		Prostata 0.1247	
		Sinnesorgane 0.0000	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
			%Haeufigkeit
45		Brust 0.0068	
		Eierstock-Uterus 0.0023	
		Endokrines_Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0064	
50		Gastrointestinal 0.0122	
		Haematopoetisch 0.0000	
		Haut-Muskel 0.0453	
		Hoden 0.0078	
		Lunge 0.0082	
		Nerven 0.0010	
55		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395	
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829 12.0569	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0197			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			45
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0186	0.0153	1.2123 0.8249
	Brust 0.0133	0.0436	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0182	0.0130	1.4023 0.7131
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0191	0.3827 2.6128
	Gastrointestinal 0.0194	0.0095	2.0357 0.4912
	Gehirn 0.0237	0.0449	0.5287 1.8916
10	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0254	0.0550	0.4624 2.1624
	Hoden 0.0244	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0224	0.0165	1.3544 0.7383
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas 0.0114	0.0387	0.2939 3.4030
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata 0.0214	0.0128	1.6779 0.5960
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0305		
30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung 0.1537	
		Gastrointenstinal 0.0401	
		Gehirn 0.1126	
35		Haematopoetisch 0.0472	
		Herz-Blutgefaesse 0.0164	
		Lunge 0.0481	
		Niere 0.0247	
		Prostata 0.0499	
40		Sinnesorgane 0.1954	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
			%Haeufigkeit
45		Brust 0.0544	
		Eierstock-Uterus 0.0320	
		Endokrines_Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0636	
		Gastrointestinal 0.0610	
50		Haematopoetisch 0.0057	
		Haut-Muskel 0.1328	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0082	
		Nerven 0.0191	
55		Prostata 0.0064	
		Sinnesorgane 0.0000	

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ, ID: NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878	
Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349 2.9861	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997 0.4167	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0275	0.2312 4.3248	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	10
Lunge	0.0112	0.0047	2.3702 0.4219	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458 1.3409	
Uterus	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0227			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0231			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			55

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust 0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
15	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz 0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge 0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
25	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus 0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0183			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0123			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
40	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0204			
	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0070			
50	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0356			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0010			
55	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0155			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628 0.6399	
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178 0.9825	
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321 0.9689	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950 2.5314	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0149	0.0068	2.1708 0.4607	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285 0.9723	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458 1.3409	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0063			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0111			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0057			50
- Haut-Muskel	0.0453			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0128			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0011	4.6446 0.2153
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0122		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996	5
Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125 1.4035	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427	10
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324 0.8831	15
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819 1.1339	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570 0.4861	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0249			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
FOETUS				30
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0154			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
10	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0124		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0131		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0053	0.0283	0.1882 5.3141	
Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349 1.0696	
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569 0.8644	
Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612 0.8612	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	
Herz	0.0127	0.0137	0.9249 1.0812	
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572	
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792 0.7818	15
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662 1.5011	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0133	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562 17.8081	20
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101 0.3831	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0274			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0204			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0421			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0542			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0082	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0076	0.0000	undef 0.0000
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0117		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0218	0.1835 5.4504	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107 1.6375	
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55

DE 198 13 839 A 1

## **Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42**

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30			FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000 undef	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		35
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		40
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		45
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		50
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0064		55
	Sinnesorgane	0.0000		
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30	 <b>FOETUS</b> %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	 <b>NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN</b> %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
50	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0093	0.0196	0.4757 2.1023	
Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582 0.6418	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386 1.1924	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739 13.5274	
Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851 0.8438	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678	
Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999 0.4167	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
				30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0125			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0082			
Lunge	0.0296			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0114			50
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0131			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0232	0.0051	4.5462 0.2200
	Brust 0.0027	0.0153	0.1747 5.7229
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0076	0.0099	0.7741 1.2918
15	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
20	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7798 0.2646
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
25	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
35		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0247		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
50	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID, NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0131	0.1019 9.8107	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000 undef	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			30
Gastrointestinal	0.0031			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			55

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30			FOETUS %Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0307	
			Gastrointenstinal	0.0062	
35			Gehirn	0.0063	
			Haematopoetisch	0.0118	
			Herz-Blutgefaesse	0.0164	
			Lunge	0.0148	
			Niere	0.0062	
40			Prostata	0.0499	
			Sinnesorgane	0.0000	
					NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0000	
			Eierstock-Uterus	0.0137	
			Endokrines_Gewebe	0.0000	
			Foetal	0.0187	
50			Gastrointestinal	0.0244	
			Haematopoetisch	0.0000	
			Haut-Muskel	0.0194	
			Hoden	0.0156	
			Lunge	0.0000	
			Nerven	0.0131	
55			Prostata	0.0321	
			Sinnesorgane	0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0153	0.2621 3.8153	
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187 3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582 1.7916	
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902 0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0265	0.0275	0.9634 1.0380	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746 1.7403	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838	
Niere	0.0208	0.0342	0.6078 1.6452	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697	
Uterus	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
30				
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0236			35
Herz-Blutgefaesse	0.0286			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0279			40
35				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0114			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0421			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0155			55
50				
60				
65				

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
			Gastrointenstinal	0.0000
			Gehirn	0.0000
35			Haematopoetisch	0.0000
			Herz-Blutgefaesse	0.0000
			Lunge	0.0000
			Niere	0.0000
40			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0000
			Eierstock-Uterus	0.0046
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0064
			Gastrointestinal	0.0000
50			Haematopoetisch	0.0000
			Haut-Muskel	0.0065
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0164
			Nerven	0.0040
55			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614	
Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089 1.1002	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525 2.8368	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260 0.8881	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0428	0.0117	3.6565 0.2735	
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656 1.0356	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286 35.0255	
Niere	0.0178	0.0479	0.3721 2.6872	
Pankreas	0.0170	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864 5.3637	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
				30
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0123			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0164			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0249			40
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0434			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0972			
Hoden	0.0468			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0321			55
Sinnesorgane	0.0310			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Nortern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust 0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
15	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge 0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
25	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0236			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
40	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0205			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0128			
50	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
55	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843	
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064 4.8443	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801 0.6329	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903 5.2538	
Niere	0.0059	0.0137	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0000			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust 0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock 0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn 0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
10	Haematopoetisch 0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas 0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
20	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus 0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0267			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0123			
35	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0118			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0309			
40	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0274			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0122			
50	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0324			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0131			
55	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
				30
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0171			50
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30			FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0367			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID: NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878	
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059 0.2852	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0847	0.0000 undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0050	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0173	0.0523	0.3313 3.0187
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0066	0.0285	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

30	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
35	Haematopoetisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
40	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
50	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
55	Prostata 0.0128	
	Sinnesorgane 0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	
Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612 3.8288	
Lunge	0.0025	0.0095	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0089		.	25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			30
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0082			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0160			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0155			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0245	0.3721 2.6874
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
20	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0128		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242 1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907	
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257 3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635 1.5071	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547 6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			30
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0697			55

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0109	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0044	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0058		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0046	0.0665	0.0699 14.2976	5
Brust	0.0080	0.0436	0.1835 5.4504	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732 2.6795	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0087	0.0142	0.6145 1.6273	15
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275	
Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186 0.8939	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0343			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS				30
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
<b>NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN</b>				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0476			45
Eierstock-Uterus	0.0274			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357 0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837 0.9227
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963 1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
30		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0154		
	Gehirn	0.0000		
35	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0000		
50	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0156		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0040		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753	15
Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.1258	0.1600	0.7862 1.2720	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0410			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0449			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
15	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
20	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
25	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198 0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.1011		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
50	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	
Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053	5
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			30
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0046			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			55

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

60

65

# DE 198 13 839 A 1

## Beispiel 3

### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
- 10 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

15 Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

20 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

25 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel- längen Sequenz	Chromos. Lokali- sation
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane NADH-ubiquinone oxidoreductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbekt.
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDa Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbekt.
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbekt.
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humanes Chromosom 4p16;3
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasentumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbekt.
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbekt.

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Lfd.	Nr.	Expression	Funktion	EST	Länge der Sequenz	Chromos.
				Ausg.	-	Lokalisation
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.		260	989	unbekt.
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt		276	2017	unbekt.
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar		252	2233	Hum Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit		252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herzumor als im entspr. Normalgewebe	Ostrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist		273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u.D18S468 (61-64 cM)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemei- lung Sequenz	Chrom. Lokalisa- tion
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked kinase (ILK)", steuert den Zusammensetzenbau der Fibrinogen-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chro m. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chro m. 6 zw. D6276U. D6S439 (44-48 cM)
					5
					10
					15
					20
					25
					30
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der Ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
15	ca. 7 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	humane Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum.Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM) unbkt.
16	ca. 11 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	
17	ca. 6 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbkt.
18	ca. 7 x stärker im Brusstumor und im Blasentumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum. Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusttumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbkt.
20	in Brusttumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromo s. 13
21	ca. 4 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbkt.
22	ca. 2 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST	Länge der Ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
			Ausg.- länge		
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von <i>arabidopsis thaliana</i> (Chromosom 1)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von <i>caenorhabditis elegans</i> , das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehintumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt I

5                    10                    15                    20                    25                    30                    35                    40                    45                    50                    55                    60                    65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel- ten Sequenz	Chromos. Lokali- sation
31	ca. 4 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbekt.
33	Expression in Brusstumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE
35	im Brusstumor stark erhöht	Ubiquinon Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE
36	im Brusstumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanaes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE
38	erhöht in Brust- und Prostatatumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI-13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)

Lfd Nr.	Expression	Funktion	EST Auss.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusstumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI-11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusstumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusstumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusstumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusstumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusstumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusstumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co- Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusstumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusstumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostatatumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusstumor erhöht	unbekannt	173	904	

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50  
55  
60

65

Lfd Nr.	Expression	Funktion	Ausg.- länge	EST Sequenz	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskel tumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE	
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE	
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE	
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE	
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromo- m 17	
56	nur im Brusttumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE	
57	im Brusttumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe	
58	im Brusttumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2	
59	im Brusttumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe	
61	im Brusttumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe	
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011		

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel. Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC-32788 (Chrom.1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasentumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC-34461 (
66	in Blasen- und Brusttumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brusttumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

## DE 198 13 839 A 1

Tabelle II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.		Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
5	3	71
	9	72
		73
		74
		75
10		76
	14	77
	16	78
	17	79
		80
15	18	81
	19	82
	20	83
	21	84
		85
20		86
		87
	23	88
		89
25	24	90
	25	91
	27	92
		93
	29	94
	31	95
30		96
		97
		98
	33	99
		100
35	35	101
	36	102
	38	103
	39	104
	40	105
40	41	106
	42	107
	43	108
		109
		110
45	44	111
		112
		113
	46	114
50	47	115
		116
	48	117
	49	118
		119
	50	120
55	51	121
		122
	52	123
		124
		125
60	53	126
		127
	54	128
	55	129
		130
65		131
		132
		133

# DE 198 13 839 A 1

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	5
58	137	
59	138	
	139	
61	140	
62	141	10
63	142	
	143	
	144	
64	145	
66	146	15
67	147	
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll 20 beschrieben.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

- 5           (i) ANMELDER:  
              (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
              (B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
              (C) STADT: Berlin  
              (D) LAND: Deutschland  
              (E) POST CODE (ZIP): D-14195  
              (F) TELEFON: (030)-8413 1672  
              (G) TELEFAX: (030)-8413 1671  
              (H) 15

20           (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
              Brusttumorgewebe

25           (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

- 30           (iv) COMPUTER READABLE FORM:  
              (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
              (B) COMPUTER: IBM PC compatible  
              (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
              (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35           (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

- 40           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
              (A) LÄNGE: 513 Basenpaare  
              (B) TYP: Nukleinsäure  
              (C) STrang: einzeln  
              (D) TOPOLOGIE: linear

45           (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
              hergestellte partielle cDNA

50           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55           (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 60           (vi) HERKUNFT:  
              (A) ORGANISMUS: MENSCH  
              (C) ORGAN:

- 65           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
              (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CCTTCAGGTA	GGAGGTCCCTG	GGTGACTTTG	GAAGTCCGTA	GTGTCTCATT	GCAGATAATT	60
TTTAGCTTAG	GGCCTGGGGG	CTAGGTCGGT	TCTCTCCTT	CCAGTCGGAG	ACCTCTGCCG	120
CAAACATGCT	CCGCCAGATC	ATCAGTCAGG	CCAAGAAGCA	TCCGAGCTTG	ATCCCCCTCT	180
TTGGATTTAT	TGGAACCTGGA	GCTACTGGAG	CAACACTGTA	TCTCTTGCCT	CTGGCATTGT	240
TCAATCCAGA	TGTTTGTGAG	GACAGAAATA	ACCCAGAGCC	CTGGAACAAA	CTGGGTCCCA	300
ATGATCAATA	CAAGTTCTAC	TCAGTGAATG	TGGATTACAG	CAAGCTGAAG	AAGGAACGTC	360
CAGATTCTA	AATGAAATGT	TTCACTATAA	CGCTGCTTTA	GAATGAAGGT	CTTCCAGAAG	420
CCACATCCGC	ACAATTTTCC	ACTAACCAAG	GAAATATTTC	TCCTCTAAAT	GCATGAAATC	480
ATGTTGGAGA	TCTCTATTGT	AATCTCTATT	GGN			513

5

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

atagggccgg	tgctgcctgc	ggaagccggc	ggctgagagg	cagcgaactc	atctttgccca	60
gtacaggagc	tcgtgcctgt	gcccacagcc	cacagccac	agccatggc	tgggacctga	120
cggtaagat	gctggcgccc	aacgaattcc	aggtgtccct	gagcagctcc	atgtcggtgt	180
cagaagctaa	ggcgccatc	acccagaaga	tcggcgtgca	cgccctccag	cagcgtctgg	240
ctgtccaccc	gagcggtgt	gcgtcgcagg	acagggtccc	ccttgcgcag	cagggcctgg	300
gccccggcag	cacggtcctg	ctgggtgtgg	acaaatgcga	cgaacctctg	agcatcctgg	360
tgaggaataa	caagggccgc	agcagcacct	acgagggtgc	gctgacgcag	accgtggccc	420
acctgaagca	gcaagtgagc	gggtggagg	gtgtgcagga	cgacctgttc	tggctgacct	480
tcgagggaa	gccccctggag	gaccagctcc	cgctggggga	gtacggcctc	aagccccctga	540
gcaccgtgtt	catgaatctg	cgcctgcggg	gaggcggcac	agagcctggc	gggcggagct	600
aaggccctcc	accagcatcc	gaggcaggatc	aaggccgga	aataaaggct	gttgtaaaga	660
aaaaaaaaaa						670

55

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

35	gggccgtca	cgggacagag	cagtcggta	caggacagag	cagtcggta	cgggacacag	60
	tggttggta	cgggacagag	cggtcggta	cagcctcaag	ggcttcagca	ccgcgc(ccat	120
	ggcagagcca	gaccgactca	gattcagact	ctgagggagg	agccgctgtt	ggagaagcag	180
	acatggactt	cctgcggAAC	ttattctccc	agacgctcag	cctgggcagc	cagaaggagc	240
	gtctgctgga	cgagctgacc	ttgaaagggg	tggcccgta	catgcagagc	gaacgctgtc	300
40	gcagagtcat	ctgtttggtg	ggagctggaa	tctccacatc	cgcaggcatc	cccgacttcc	360
	gctctccatc	caccggcctc	tatgacaacc	tagagaagta	ccatcttccc	tacccagagg	420
	ccatcttga	gatcagctat	ttcaagaaac	atccggaaacc	cttcttcgcc	ctcgccaaagg	480
	aactctatcc	tgggcagttc	aagccaacca	tctgtacta	cttcatgcgc	ctgctgaagg	540
45	acaaggggct	actcctgcgc	tgctacacgc	agaacataga	taccctggag	cgaatagccg	600
	ggcttggaaaca	ggaggacttg	gtggaggcgc	acggcacctt	ctacacatca	cactgcgtca	660
	ggccaagtgc	cggcacgaat	accgcctaag	ctggatgaaa	gagaagatct	tctctgaggt	720
	gacgccccaa	tgtgaagact	gtcagagcct	ggtgaaggct	gatatcgtct	tttttggta	780
	gagcctccca	gcgcgtttct	tctcctgtat	gcagtcagac	ttcctgaagg	tggacctcct	840
50	cctggcatg	gg tacctctt	tgcagggtca	gccc ttgc	tccctcatca	gcaaggcacc	900
	cctctccacc	cctcgcctgc	tcatcaacaa	ggagaaagct	ggccagtcgg	accctttcct	960
	ggggatgatt	atgggcctcg	gaggaggcat	ggactttgac	tccaaaagg	cctacaggga	1020
	cgtggcctgg	ctgggtgaat	gcpaccagg	ctgcctggcc	cttgcgtgac	tccttggatg	1080
55	gaagaaggag	ctggaggacc	ttgtccggag	ggagcacgcc	agcatagatg	cccagtccgg	1140
	ggcgggggtc	cccaacccca	gcacttcagc	ttcccccaag	aagtccccgc	cacctgccaa	1200
	ggacgaggcc	aggacaacag	agagggagaa	accccagtga	cagctgcata	tcccaggcgg	1260
	gatgccgagc	tcctcagga	cagctgagcc	ccaaacgggc	ctggccccct	cttaaccagc	1320
60	agttcttgc	tggggagtc	agaacatccc	ccaatcttt	acagctccct	ccccaaaact	1380
	ggggtcccag	caacccttgc	ccccaaaccc	agcaaatctc	taacacctcc	tagaggccaa	1440
	ggcttaaaca	ggcatctca	ccagccccac	tgtctctaac	cactcctggg	ctaaggagta	1500
	acccccccta	tctctaactg	cccccacgg	gccagggtta	ccccagaact	ttaactctt	1560
	ccaggacagg	gagcttccgg	cccccaactt	gtctcctgcc	ccccggggcc	tgtggctaag	1620
65	taaaccatac	ctaacctacc	ccagtggtgg	tgtggcctc	tgaatctaac	ccacacccag	1680
	cgttaggggta	gtctgagccg	ggagggctcc	cgagtctctg	ccttcagctc	ccaaagtggg	1740

# DE 198 13 839 A 1

tggtgggccc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atggcagaa gacattgctt1800  
 attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaaaaaa aaaaaa 1845

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

35

cggctcgagg gcgccgcgga gggcaggc gtttctgcgc gggctccgg cgctgctact 60  
 gctgctgctc ttccctgggc cctggccgc tgcgagccac ggcggcaagt actcgcggga 120  
 gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtcggga gaggagttcc gcatggagaa 180  
 gttgzaaccag ctgtgggaga agggccagcg actgcattt cctccgtga ggctggccga 240  
 gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaga aactaaagct 300  
 tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360  
 cttggccaag tatggcttgg acggaaagaaa ggacgctcg caggtgacca gcaactccct 420  
 cagttggcacc caggaagacg ggctggatga ccccgaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480  
 gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540  
 tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600  
 aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgc atcaaggggca gcgtcctgca 660  
 cagcaggcac acggagctga aggagaagct ggcgcgatcc aaccaggggcc tggaccgcct 720  
 ggcgcaggc acggcaccagg gctacagcac tgaggctgag ttggaggagc ccagggttat 780  
 tgacctgtgg gacctggcgc agtccgc当地 cctcacgc acggagctgg aggcgttccg 840  
 ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaaggcagct 900  
 ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagctg ggcgcaggcg a诶gtgttag 960  
 cccgcaggc gagaagcacg ccctgctgga gggcgaggacc aaggagctgg gctacacgg 1020  
 gaagaagcat ctgcaggacc tgccggcag gatctccaga gctccgcaca acgaactctg 1080  
 aagcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctttg 1140  
 gccgtggcat ttccgtggac agccccggc cagggtggct gggctggca cgggtgtcg 1200  
 ggcaaggagg attgtttctg gtgactgcag ccgcgcgt cgccgcacag ggcttgg 1260  
 tggtagcatt tgggtctgag atcggcccaag ctctgactga agggcttgg cttccactca 1320  
 gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcagg 1380  
 gatagtccctc tgctaaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgg 1440  
 aataccatgc acagagtcct taaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499  
 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

35 gggccaagtg ccccagtca gaggctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60  
cactctgtgg ggctccctcg cg tttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120  
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caataactctg tgaagctggg 180  
gcacccagac accctgaacc aggggaaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240  
tttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300  
40 cacaatgca gacaaggcgc tgagcttcga ggagttcatc atgctgtatgg cgaggctaac 360  
ctggccctcc caccgagaaga tgcacgaggg tgacgaggc cctggccacc accataagcc 420  
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480  
cgcccacagt catggtgcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540  
45 tctacccaac cagggccccg gggctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggcttaggg 600  
gctggggcca aataaagtct ctccctccaa gtcagtgtc ttttgtgttcc ttccagctcc 660  
tgtcaacac tgcctttcca ggggtgtg 688

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

15

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgccgcctcg gtccgggtga ctttgccgac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcggaaagc tggaccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tataggggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
20 ctccgagcag aagtgcatcg ccatgtgcac ggaccgcata atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaaa cgtgcttga gagggcgggtt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggctt aggagggtgg caccgggtgct gggacacacg ggaactgtgtc 480
25 ctcgccaccc cccgcctgc cccctgcccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg
540 gcccgtgtgcc ttccctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttgggtta 600
ttccccctagt gtgcccagaat caggctcata ttctggcgg acagcttgc tggacttcgg 660
30 agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacccct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tggaaagagg 780
tgacgcgtgt cccttggaaacc ccagctcgga gggctcagc ctccccctggg ttgggagaag 840
tccatcttcc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
35 acccctgccc 909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5        tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggc<sup>ga</sup> gggaggccgg acggcgccgc 60  
 tgctgctgg cgtgcgttca ct<sup>tt</sup>cagcc<sup>t</sup> ggtgtgggc ttgtaaacat ataaacataaa 120  
 aatg<sup>gc</sup>tcc aaaagagctc tgg<sup>t</sup>catcc<sup>t</sup> ggctaaagga gcagaggaaa tggagacgg<sup>t</sup> 180  
 catccctgta gatgtcatga ggc<sup>g</sup>agctgg gattaagg<sup>t</sup>tc accgt<sup>t</sup>gcag gcctggctgg 240  
 10      aaaagaccca gtacagt<sup>t</sup>ta gccgtatgt ggtcattt<sup>t</sup>gt cctgatgcca gccc<sup>t</sup>gaaga 300  
 tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtgtt ggttctacca ggaggt<sup>a</sup>atc tgggcgcaca 360  
 gaatttatct gagtctgtg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420  
 cctgatagcc gccatctgtg cagg<sup>t</sup>cctac tgctctgtt gctcatgaaa taggttttg 480  
 aagtaaagtt acaacacaccc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540  
 15      ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgatttt acaagccggg ggcctggac 600  
 cagcttcgag tttgcgc<sup>t</sup>tg caatttgta agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660  
 agtgaaggct ccacttgg<sup>t</sup>tc ttaaagacta gagcagcga ctgcgacgat cacttagaga 720  
 aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctct<sup>a</sup> aacaaaacag tggtaggtt 780  
 20      atgtgttcag aagtgcgtgt ccttactact tttgcggaa<sup>g</sup> tatggaa<sup>t</sup>tc acaactacac 840  
 agagatttct cagcctacaa atttgtcta tacatttcta agccttgc<sup>t</sup>tt gcagaataaa 900  
 cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa 930

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

30      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35      (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40      (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45      (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

cgcgcccccg tcgtgcacgc ggtttagct gcccggccgc ggcagaagcg gcgctcgcc 60  
 60      caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggc atggaggcgc tgccgctgt agccgcgaca 120  
 actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgtgc cgctactgt<sup>t</sup>tcctgtg 180  
 ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240  
 tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggtcgcc 300  
 gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcct<sup>a</sup>ta ctgggaagga 360

65

acagctgtga tcgatggaga attaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tggaaatac 420  
 ttggtttct tcttctaccc acttgatttc acatttgcgt gtccaaactga aattatcgct 480  
 tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540  
 5  
 gattcacagt ttacccattt ggctggatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600  
 ccaataagga ttccacttct tttagatttg accccatcaga tctcaaagga ctatgggtta 660  
 taccttaggg actcaggcca cactcttgc ggtctttca ttattgtatca caaaggaatc 720  
 ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttcgt gtgggttagat cagttggatca gacactacgt 780  
 ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctggccctgc tggctggaaa 840  
 10  
 cctggtagtg aaacaataat cccagaa;cca gctggaaagc tgaagtattt cgataaaactg 900  
 aattgagaaa tacttcttca agttatgtatca ttgaaagtt ctcataaaag ttcacggtt 960  
 cattaccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aagcaaccc ttttatgtct tatctttgca tttccctgtt ttcagctatt ttcttaaagg 60  
 aaggcccagg tctgtattat cctactgccatcatggaaatgaaatggatctcacagcct 120  
 50  
 tgccctaat cactgaacac agcgttttgtt aatgttttac acaagaacacag gatattggca 180  
 actcaactgt taagccttc tttgttattt cttcccttgatc atcaactctgtatgttccagg 240  
 gtaattttagt cctggagctt ttgttccacac tttaaatagc agtccccagaa tgatttctact 300  
 acagactctc tggaaaggct gggagctgaa ttccggaaaga tccccacatc gatgaaagca 360  
 aagcgaagca ccaaggccatc atcatgttcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420  
 gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480  
 accaagaatc actagaaagg ctcttcgaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540  
 ccaagatcat ttttgcata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgtatggcct 600  
 tgaagaagag gacaaaaagac aagttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660  
 aagttcaactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720  
 caagttagtt tttgttccatc taacagatgc agcattttgc tgctaccttca aagcttctc 780  
 ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggcc accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840  
 aactgggttca aaaaaaaaaaa aaaaaatccatc atgccttgc ctgttacaga ggagaacaaa 900  
 65  
 atgctttcag caaggatttgc aaaaacttcc cgtccctgca gggaaaggatt gatgctgata 960

gaagagcctg gacagatgt a~~g~~aga~~a~~cta aagaaaacag atggctggag atgacattt 1020  
 tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaa agttaacttt tttttttttt 1080  
 5 aaccaaatacg ataggggagg ggaggaggga ga~~g~~ggaggac agggagagaa aataccatgc 1140  
 ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagttt 1200  
 gtctattgtt atagatttt agaaatcaat aattgattat ttatgtcac ttattacaat 1260  
 gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gt~~g~~aaaattc aagaaagttaa gatgtttca 1320  
 10 gcaactcagt aaaaccttac gccaccttt gg~~t~~ttgttaa aggtttta tacattca 1380  
 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tctttataa atccaaagta ctgtgaaaac 1440  
 attttacata ttttttaat cttctgacta atgctaaaac gtaatcta ataaattcat 1500  
 acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact 1560  
 ctatagttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgt 1620  
 15 aactttgtgg cttttggct gtatgtctt gtctca~~a~~agg aaaaataag atggtaatg 1680  
 ttgatattta caaactttc taaagatgtg tctctaa~~c~~aa taaaagttaa ttttagagt 1740  
 gttttatatt aaitacccaa cttttcaaa ac~~a~~atttctt acgtcaaata tctggaaagt 1800  
 ttctctgtcc caatctaaa atataaaata tagatataga agtcataga ttgactcc 1860  
 20 ggcatttcta ttatgtatc cataggat gagttttaa aggcttctc ttcataactt 1920  
 tgaaaaattt cttctatgt tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttccaag 1980  
 caatatgtt tggtttaga gtctgagtga tgaccaa

2017

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

cggtcgagc ggcgcgaagt tccatgaggg gcctccggc actgatctt ctggacctga 60  
 gttataacca ctttcggaaag gtgcctgtatg ggctccctc agcttcttgc cagctgtaca 120  
 tggagcacaa caatgtctac accgtccccg atagctactt cggggggcgc cccaaagctgc 180  
 tgtatgtcg~~g~~ gctgtcccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacacccatca 240  
 attccagcag cttcccttgag ctagacctt cctacaacca gctgcagaag atccccccag 300  
 tcaacaccaa cctggagaac ctctacccctt aaggcaatag gatcaatgag ttctccatca 360  
 65 gcagcttctg caccgtggtg gacgtcgta acttctccaa gctgcagggtg ctgcgcctgg 420  
 acggaaacga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgacgcg cccctctgcc tgccgccttgc 480

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag ccccccgtggc 540  
 atttggcttg atggtttgg ttggctttg ctggaaagtc caggatggac catgtgacag 600  
 aagtccacgg gcaccctctg tagtcttctt tcctgttaggt gggtttaggg ggggcgatca 660  
 5  
 gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagtc actctttcc agggacagaa 720  
 gtgggttag atgaaaggat ccctggatgt tccaacccca taaatctcac ggctctaag 780  
 ttctcccaa tcatctgagg tcatggaact taaaagtgg catggcaat agtatataac 840  
 catactttc taacaatccc tggctgtctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900  
 ctggcgtgt cgtgcagtt ctctggctc ccatttggtt ctctcaaaa tataacctt 960  
 10  
 gcccagctgc ctctctgaa atccacttca cccactccac tttctccac agatgctct 1020  
 tctgtgcctt aagcagatgc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg 1080  
 tggagacaac ccacactgtg tctgggtg aaaggacacc aggagtact tctataacctc 1140  
 cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggtcac cagcatgtg ataatttca 1200  
 15  
 tgacctgatg tgggaggaga cagccaacct caggcttaga tcaatgtata gggctatatt 1260  
 ttggcagctg gtagcttt tgaaggtgga taagacttca gaagaggaaa ggccagactt 1320  
 tgcttaccat cagcatctgc aatgggccaa acacacccat aattggctga gttgagaaag 1380  
 cagccccagt agttccattc ttgcccagca ctttctgcat tccaaacagc atccctacctg 1440  
 20  
 gtttttatac cacaaggta gcggccacat gtttttaaa gtatgagaaa cacagttgt 1500  
 cctccctt tatccaagca ggaagattct atatcctgat ggtagagaca gactccaggc 1560  
 agccctggac ttgcttagcc aaagaaggag gatgtggta atctgttca cttgggttgc 1620  
 cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagtc tggctgggtt ccgtgaagcc caggccaggc 1680  
 agccaaatct tgcctgtgt gggatacaa ccctctgct tcacatctct gagctatatc 25  
 25  
 ctcattagtg aaggtaggtt ttgctttata gtttggctgg ggagcactt attctccca 1800  
 tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgcc ctttggcaaa gtttggacal 1860  
 aagccatctg ggcagtcaagg ggcaaggact gttggagggag agtagccca agtataaggct 1920  
 ctgcccagat gccatcacat ccctgataact gtgtatgtt tgaagcacct tccctgaga 1980  
 30  
 gggaaagaggg gatctttgga ctacgttctt ggctccagac ctgaatcca caaaagccaa 2040  
 accagctcat ttcaacaaag gagtcccgat gtgagggggca aggctgcccc ctgcccagg 2100  
 gctttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgct ttataaagga tccttattac 2160  
 aggaaaagca tgagtggtag ctaacctgac caataaagtt attttatgt tgcaaataaa 2220  
 35  
 aaaaaaaaaaaa aaa 2233

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

5 ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60  
 catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120  
 cctgcatgtg tggcggttgg agaagctgaa gccggtgcc gtggcgcaag agaaccagg 180  
 cgtcttcctc tcggggact cctaccaat gctgcacaat ggcccagaag aggtttcca 240  
 10 tctgcacctg tggataggcc agcagtcatc ccgggatgag cagggggcct gggccgtgct 300  
 ggctgtgcac ctcaacacgc tgctggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360  
 aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaagggtgg 420  
 gtggagtcag catttcacaa gacccacca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480  
 15 caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagctc 540  
 aacactgggg actgcttcat cttggacctg ggccagaaca tcttcgcctg ggtgtggg 600  
 aagtccaaca tcctggAACG caacaaggcg agggacactgg ccctggccat ccgggacagt 660  
 gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgtg gggaggagcc tgctgagatg 720  
 20 atccaggtcc tggggcccaa gcctgctctg aaggaggcga accctgagga agacctcaca 780  
 gctgacaagg caaatgccta ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840  
 atgaacactga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgcctt ttgaactgct gatatctgat 900  
 gactgcttg tgctggacaa cggcgtctgt ggcaagatct atatctggaa gggcgaaaa 960  
 25 gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgt 1020  
 cagtagcccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080  
 aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tggcgctt cctgccccat gctccctgc 1140  
 ccccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggc agtgcagagg tgcccccctgc 1200  
 agatgttcaa taaaggagac aagtgcattc ccagctctt tcctgcaaaa cctgcctgg 1260  
 30 gctgattctc actgtcaccc acatttac ctgggttcat cccatgctg ggggtggagt 1320  
 agcacacaga tgacaatgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

# DE 198 13 839 A 1

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatggtgat 60  
 aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attggtgctg ctttactga 120  
 aggcttatca agtggttaa gtacttctgt tgctgtttc tgtcatgagt tgcctcatga 180  
 attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaaaggcagg ctgtcctta 240 5  
 taatgcattg tcagccatgc tggcgatct tggaaatggca acaggaattt tcattggtca 300  
 ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcaacttact gctggcttat tcatgtatgt 360  
 tgctctgggt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgttag 420  
 ccgctggggg tatttcttt tacagaatgc tgggatgctt ttggggttttgaattatgtt 480 10  
 acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttgcgtata aatttctagt taaggtttaa 540  
 atgcttagagt agctaaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcataaggag atgagtttgt 600  
 atgctgtact atgcagcgtt taaagttgtt ggggtttgtt attttgcatt tgaatattgc 660  
 tgtctgttac aaagtcaattt aaaggtacgt ttaatattt aagtattct atcttggaga 720  
 taaaatctgt atgtcaattt caccggattt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780 15  
 catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaaa atgtctttaa tgcttttca agaactaaca 840  
 cagttattcc tatactggat ttaggtctc tgaagaactg ctgggtttt ggaataagaa 900  
 tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaaagg 960  
 agaaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaat1020 20  
 gttgtaaattt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtataagag1080  
 tacatttattt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgttagt aggcaacttt1140  
 catatactaa ttttagttgtt cattaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200  
 tgaattcaag caatatatca ctgtaccaag aaatttggaaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260 25  
 atataccaga tgagtacagt gagtagttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320  
 tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggta cctggtttac aaaattatca1380  
 gagtagtaaa actttgatataatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440  
 gattcagaaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgat tatcattgtt agcaatttgc1500 30  
 ttttatatac ggtactgttag ccatactagg cctgtctgtt gcattctcta gatgtttctt1560  
 ttttacacaa taaattccctt atatcagctt gaaaaaaaaa 1597 35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

# DE 198 13 839 A 1

cgggcgcggc cgacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60  
 aagcttgggg ttcatccccc ttccctggag cccgagtcggc gtccctcaggc ttcccccaatc 120  
 5 caggggactc ggcgcggga cgctgtatg gacgacatt tcactcagtg ccgggagggc 180  
 aacgcagtctc ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctaaccaggggac 240  
 gatcatggct tctcccccgt gcactggggc tgccgagagg gccgctctgc tgggttgag 300  
 atgttgcata tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga caccggggctg 360  
 catctggcag ccagtcatgg acaccgtat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420  
 10 gacatcaatg cagtgaatga acacggaaat gtgcctctgc actatgcctg ttttggggc 480  
 caagatcaag tggcagagga cctgggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtacaacaa 540  
 tatggagaga tgcctgtggca caaagccaag gcacccctga gagagcttct cggagagcgg 600  
 gcagagaaga tggggccagaa tctcaaccgt attccatata aggacacatt ctggaaagggg 660  
 15 accacccgc accacccgc aatgggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720  
 cagcttaact tccctgaccaa gctcaacggaaat aatcaactctg gagagctatg gaaggcccgc 780  
 tggcagggca atgacattgt cgtgaagggtg ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840  
 agcaggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggatt tctcgcatcc aaatgtgctc 900  
 20 ccagtcttag gtgcctgccca gtctccacact gtcctctatc ctactctcat cacacactgg 960  
 atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020  
 agccaggctg tgaagttgc tttggacatg gcaagggca tggccttcct acacacacta 1080  
 gagccctca tcccacgaca tgcaactaat agccgtatgtg taatgattga tgaggacatg 1140  
 25 actgcccgaat ttagcatggc tgatgtcaag ttctcttcc aatgtcctgg tcgcatttat 1200  
 gcacccgcctt gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260  
 tcagcagaca tggatgttt tgcagtgcctt ctgtggaaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320  
 tttgctgacc tctccaaat gtagatttggaa atgaagggtgg cattggaaagg cttgggct 1380  
 ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440  
 30 accctgcaaa ggcacccaaa ttgacatgaa ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggac 1500  
 agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagagggtgc gggacatggg tggggaaatg 1560  
 cacccccc aagcagcagg cctctgggtg cttcccccgc ctccagtcat ggtactaccc 1620  
 cagccatggg gtccatcccc ttccccccatc cttaccactg tggccccaag aggggcggc 1680  
 35 tcagagctt gtcacttgcc acatgggtgc tcccaacatg ggagggatca gccccgcctg 1740  
 tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaaa aaagggtgtgg 1780

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 892 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgtttc tcgatctgct gtcgtctca	60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgcgtccgc gccaagaag	120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc	180
gcaaggagag ctactccgt a tacgttaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg	240
gcacattcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttgcgaacgca	300
tcgcgggtga ggctccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg	360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg	420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt	480
tctctggaat ttctgtat gaccaagaaa gcttcttatac aaaagaagca caattgcct	540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac	600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgc ttcattcaga ttccaaagag aatcattac	660
aagtaattt ctgtctccctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgtccctca	720
aagaattgtc tacattaccc atctcctt ttgcctctga gaaagagtat ataagctct	780
gtAACCCACT ggggggttgg ggtatatattc tgtggtcctc agccctgtac cttataataat	840
ttgtatgcct ttctcttaa aaaaaaaaaag gagggaaagaa ggaagaggat gc	892

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag gattggctgt tagccgcgtt gtagttaacg tcgtgttaacg gcggcggtgt	60
cggcagctgc ttagcgaag agagtttggc gcgcgttctc acaccatTTT gctggtagac	120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg	180
gaaggtgttt gtAAAATGTA tgaagaacat ctgAAAAGAA tgaatccaa cagtcctct	240
atcacatatg acatcagtc gttgtttgtt ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc	300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagcctata acaaagactg gattaaagag	360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaataatt gtgttggaa	420
cactgggggg gttgggggtgg gcttggaaaca caggtgtgta cagcgtgtc tagtgttggaa	480
tttgtatcat agtaatcctg ttccacttt gttataactct agccaagatt gactgttatt	540

5 gatgaaatgt gaggatcttgc ttaaatcgaa aaccccccgtt acctcctctt tttctttctc 600  
 tttctttttt ttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaa tggttcttcg 660  
 tcacttaatgt ttgggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720  
 taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780  
 aagtcttggt aaaaataaaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaaaa aaaattgaag 840  
 gactggaaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtgtg tggggaaag gctttggacc 900  
 tagaccaacc tggattgaaa tctaatttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960  
 10 ttccccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

## 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

ggcgccccgg aaggtcagcg tgtgaagtag ggcgtggcaa cgcgggtta cccgctgtta 60  
 ttgaggaga acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgaa accactcggt 120  
 ttgctgcgtt accatggaaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180  
 50 cggcttttc ggagccggcg gagcaggtt ctcgcacgcg gatttggctg gcgtcccgct 240  
 aactggatgt aaccctctgt ctccattttt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300  
 tacagatgag ttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360  
 cttctttacg attggaggat gttgcgtgac aggggctgctg tttgggtcaa tgaatggct 420  
 55 tcggcttagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480  
 tttgaatatgt gtgacttaggc aaggggact ttgggctaact ctctggcttt 540  
 gctctatagt gcattttgtc tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgacctaa 600  
 cacagtagca gctggaaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacaggtg gtctcgagg 660  
 60 gatagcacga ggtggctgtc caggactaac acttaccacgc ctctatgcac tatataataa 720  
 ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcaact tgaagatttt gccaactcat 780  
 gaatggagga cacttcagta gtcatctaga tcctttata agacagttt gagttattct 840  
 ctctcttcta cctacaattt gttgaaaaa ttggagattt tgatttgcgt tgatgaaaat 900  
 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960  
 65 ctttggtgac tcacttagta ccatggttct gttctctctt ggagatcttgcacgtatctg1020  
 tttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tacccccaga attcaggtcg tgctttag1080

# DE 198 13 839 A 1

tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc 1140  
 aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaaaaaaaa 1196

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 10  
 (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear 15
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA 20
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 25
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 30
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```
ggcttaggcc cagccccctg cctccccctcc ctccccccag gtataagagc tgagctcagg 60 40
tgagctggct cctccctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tggacagtg tcggtcagcc aaccgagagg atgctcagga attcagtgtat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aaccttcacc agtactccgt ggagggtggg aaggagacgc 300
tgacccttc tgagctacgg gacctggta cccagcagct gccccatctc atgccgagca 360 45
actgtggctt ggaagagaaa attgccaacc tggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccggggca ctgagaactc cctctggaaat tcttgggggg ttttggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcc 600 50
atctctgcaa agttcagctt cttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
ggagactcat ggggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgtat ttgaaataatg gagctggaa tatggctgga 840 55
tatctgtac taaaaaaggg tcttaagaa cctacttccct aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttccct gcctccagct ctgccccagg ctccctcc 960
actctgtccc tgggcttaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgagg 1020
agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttgg gcattgacag aatgtggtt 1080
gtttgtatc atttattaa taaaa 1105 60
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18: 65

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare  
 5 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg  60
ggccggcggc ctcctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa ttcctctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttccaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tgggtgggac 360
40 ttggAACACG ttgtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctcacagaag tcataataa actcagagaa aataaggaat ttttggaaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttcttggaaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataata tatgaactca ggtcttacca 600
45 actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctctgtcaa. tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatgg 720
gcaccatctt tggccttaca gggatcttca gaccaggaa gacatacggg atgcagcatg 780
gcacaaaacat ggctgggagg aattggata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgg 840
50 atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatac ctgttgagaa acctctttc 1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgcgtc ctctttgaaa cacccctgt tgcgttat accttataac acttagccac 1140
55 ttctccccac cctccagaag gggccacgt tgaattctga atcatctga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaattt gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgcgtatcagga agaaaatcaa attttgtcat 1320
60 gtttctcaag cagttttct gagtagttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tgcgtttaact cactctcatt tgcgttgcgtt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggtt cattaaatca gtaaaatcagt ttacatcat gtattgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tggaaacttgcgtt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggatt ttcttataac aaaacaagta 1620
65 gctcttaggaa aagagggttt atttgtaaa cgtatcatttgcgtt tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataatccc aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gtggaggtt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttt atttcatttt 1800
70 ttaataatagt atgccaattt tgcgtactgtt accatgtgaa agtccctgttgcgtt aatgaacaal 1860

```

# DE 198 13 839 A 1

ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgt taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920  
 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980  
 aatttccaca aaaaaaaaaaaa aaaaac

2006

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 10  
 (A) LÄNGE: 834 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear 15
  
- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA 20
  
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 25
  
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 30
  
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggAACCAAG aactggAACt cgcCcTTacc gcttgctGCC aaaACAGTGG gggCTGAact	60
gacCTCTCCC ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacAAaggca tgcaggagag	120
aacaggAGCA gCcACAGCCA ggAGGGAGAG ctttCCCCAA gcaAAACAATC cAGAGCAGCT	180
gtgCAAACAA CGGTGCTAA atgaggGCCTC ctggaccatg aAGCGAGTCC tgAGCTGCGT	240
cccggAGCC acggTggTCa tggCTGCCAG aCGCtCTGC atgCTggggc tggCTCTGGC	300
cttGCTGTCC tCCAGCTCTG ctgaggAGTA cgtgggCCTG tctgCAAACC aGTGTGCCGT	360
gccAGCCAAg gacaggGTgg actgCggCTA cccccatgtc acccccAagg aGTGCAACAA	420
ccggggCTGC tgctttGACT ccaggatccc tggagtGCC tgggtttca agccccCTGCA	480
ggaAGCAGAA tgCACCTCT gaggcacTc cagCTGCCCC cggCCGGGGG atgcgaggCT	540
cggAGCACCC ttgCCCGCT gtGATTGCTG ccaggcactg ttcatCTCAG cttttCTGTC	600
ccttGCTCC cggCAAGCGC ttctGCTGAA agttcatATC tggAGCCTGA tgtCTTAACG	660
aataAAAGTC ccatGCTCCA cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggTTG	720
tGCTTTATTT ctgCTGCGTC gtgacAGCG ggaggGTGTC aggggAGAGT ctgcccAGGC	780
ctcaAGGGCA ggAAAAGACT ccctaaggAG ctgcAGTGCA tgcaaggATA tttt	834

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel 65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cgggaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgtg 60  
gacgtgttcc tcatgatccg gcccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120  
agcacggtgt tcgaactgaa ggcacatgtc gagggcattcc tcaagcggcc tcctgacgag 180  
30 cagcggctgt acaaggatga ccaactttt gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240  
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccggca 300  
gatgacacct ttgaggccct gtgcacatcgag ccgtttcca gcccggcaga gctgcccgt 360  
gtgatgaagc cccaggactc gggaaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420  
35 caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggatgc tgacaaaatg ctgcctctt 480  
ttcccgcccc tccctgggat gggccact ccctgtggc tcctttggg gcttgcgtt 540  
ggcagttctt gtgcgtgttct gtctccca gtcgtggacc ctggctgaga acttggccca 600  
40 gcctgctgtct taaaggcaccc atggggaccc tgggttgcct cagacccaag ccatttttag 660  
cagctagcca gccacaccaa ccacggcagg gggagggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720  
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcgcc tgcagcgccc 60  
 tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatgggc ggcgcgcga cgccatcctg 120  
 gatgcgctgg agaacacctac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180 10  
 gtgcgcgtgc gcgagggtca cgggcgcata cggcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240  
 ttggaccta cggacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300  
 gctaactgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360  
 caccagggtc ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctccctcagtc ggcagccaag 420 15  
 ccagggcgtc actttataga ccagcacccg gtcgcgtta tcgcgagggt cacaaacgtt 480  
 gagttgctgc tggatgctct gtacggaaag gtcctgacgg atgagcgtt ccaggcagtg 540  
 cggggcggagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaaagctct tcagtttac accagcctgg 600  
 aactggacct gcaaggactt gtcctccag gccctaagg agtcccagtc ctacctggtg 660 20  
 gaggacctgg agcggagctg aggctccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720  
 cccaccaaat catcctgaat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacattt ataagtttga agagcagaat ccagatattt tttcagaaaa 60  
 aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttggaaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120 60  
 tgacttggga gagggccact ttggggaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggggac 180  
 caatacaggg gaggcagggtgg ctgtttaatc tctgaaggctt gagatggag gtaaccacat 240  
 agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300  
 gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggattt aagctcatca tggatattct 360 65  
 gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420

5           gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480  
 cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtag agtgaacacc aagtaaaat 540  
 tggagacttc ggttaacca aagaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600  
 tgaccggac agccctgtgt ttggtagtgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaattta 660  
 tattgcctct gacgtctggt ctttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720  
 ttcaaggattct agtccccatgg cttgttccct gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780  
 10          gacagtacca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgccctgccc gcccaccta 840  
 ctgtccagat gaggtttatac aacttatgag gaaatgtgg gaattccaaac catccaatcg 900  
 gacaagctt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaataaag aagcatgaat 960  
 aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctccctgca acaaattgccc aagtcattt 1020  
 ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcaactga actcataactt 1080  
 15          cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgttaagg acttcctctt 1140  
 taaatttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200  
 aagcactcct ccttggaa agaatatacc accatttcat ctggctagtt caccatcacal 1260  
 actgcattac caaaagggggaa ttttggaaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaagal 1320  
 20          tgattgctt tccctgtgc cagctgatct gaaatgttt gctggcacat taatcatagal 1380  
 taaaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagttt ctatacagta cttagaccatg 1440  
 cattctaaa atattagata ccaggttaga tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500  
 tctctcacca gtaggactta aactttgtt ctccagtgcc ttagctctg tcccttggg 1560  
 25          tgatcactag caccattt tgagaaagct gtttctacat gggggatag ctgtgaaatal 1620  
 gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gcttccata 1680  
 gcagtataacc ttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740  
 agaaacgtca atgtatatacc tttataact ctaccactt gggcaagct attccagcac 1800  
 tggtttggaa tgctgtatgc aaccagtctg aataaccacat acgctgact gttcttagag 1860  
 30          ggtttccata cttaccaccc atctacaagg gttgatccct gttttacca tcaatcatca 1920  
 ccctgtggtg caacacttga aagacccggc tagaggact atggacttca ggatccacta 1980  
 gacagtttc agtttgcctg gaggtagctg gtaatcaaa aatgttttagt cattgattca 2040  
 atgtgaacga ttacggctt tatgaccaag agtctgaaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100  
 35          gtattcgtt gatattgtta ctttcaccc gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160  
 gcagcaatga agttgccatt taaatttgg tcatgctac ataccaagg tctctgtgtc 2220  
 aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaaa tataactaaag 2280  
 actttaaaag agaagagaaaa aaagaaaaaga aaaaaaaaaaag gggaaag 2327

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

55          (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttcctt ccccccccg cgccgcctct  60      5
ctgggttg cccccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt ggcgggctg 120
acgcgccact atgttagcggt tttcgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctca 240
tcttagcgca ggttacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaaagc caactatccc ttcatgttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgttagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgc acaggagcta 420
gagcagtgac aatgctgggt gcaacacgggc agtgttagcag gtgcattcatg tttcaccttt 480
caaccctttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtagggac aggctgc(ccc 540
aggaccactc cccccccgct aactcaatgc agctgacccct tacccctgaat actctgcagc 600   15
tgcattctgt aaccgttatc taggcgttat agcaagggtca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgaa acacgtggat tacacccct taaaattcc 720
tatttcaca agataatata ttgttaagccg gtcatgagat tatatgtggt aaagtttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccca tataaacccc tcattttgtaa agctcaggc 840
tgccacctcc gactgggtga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a                                     911

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

ccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggtc aaaggtgaag caggacatgc  60
ctccgcggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgcgcgt cgaggactgt 120
cggctacag catgctggcc ataggattt gaaacctgtat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcatcgcc 240
tggccact gttacagcga gaaaccgacc ggaggaccc tgcagatgtt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgccgcactg gaaggtgggg gagtctgtt 360
tccacacaac cccgtgggtt ccccccgttga tcggggagct gtacgggcgt cgacaccacag 420

```

# DE 198 13 839 A 1

aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgggtacac gtaggccttg tgccctccgg 480  
ccacctggat ccctgcccct ccccactggg acggaataaa tgcctgcag acctggaaaa 540  
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaaggaga gagtggccc ccgta 595

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 886 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgttagact cagcatagac ccatcacaga 60  
cctgtcagag gccgattgt a gctcgctgt agaccatga tagcagaccc gtagtcacta 120  
40 gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180  
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgc gaaactacgca gccccatg a gttcaagggt 240  
tacatgggcc acggggaa gcccgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300  
gggagaagag ccatgaagac agtttttgtt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360  
45 agtattcccc tgaccttgac ctttcaggag gccacggca agaacgtcat gctgctgcct 420  
gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agtcaacag gtataactac 480  
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccgact gaaggactag 540  
50 gccaaggccc ctgttgcca tctccatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacccttt 600  
ccaacttgcc cagggaaatg gaggttccct ctttccttc cctcttgc ggtcatccat 660  
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttggc 720  
ttatgagtga cctggagtga cagctgatgc accctggta agttctcaga gtggtcagga 780  
tggcttgacc tgcagaagat acccaagggtc caaaagcaca agtctgcgg aaagttctgg 840  
55 ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel

65

## (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 5
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 15
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 : 25
- ```
ccttagtact gcggccgtgt gggtagttg gctgccgtg agttgggtgc cggtgagtc 60
gtgttgtcc tcagaatccc cgcttagcgc tgcctccccc taccctcgcc atgtttctta 120
cccggctctga gtacgacagg ggctgtaaata ctttttctcc cgaaggaaga ttatttcaag 180
tggaaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc catgggatc cagacatcag 240 30
agggtgtgtg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgtatggag cccagcagca 300
ttgagaaaaat ttagatgatt gatgctcaca taggttgtgc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac tttaaattgt aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagttg 480
gagaagaaga tgcatgatcca ggtgccatgt ctgcgtccct tggagtagca ttattatgg 540 35
gaggagtgtg tgagaaaagga ccccaagctgt ttcatatggc cccatctggg acctttgtac 600
agtgtatgc tcgagcaatt ggctctgttt cagagggtgc ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaaagaag ccatcaagtc ttcaactcatc atcctcaaac 720
aagtaatggg ggagaagctg aatgcacaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780
agaatttcca catgttcaca aaggaagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgtatcc cagaacttct ctgggacaat ttcaagttcta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tggcccttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaá tgatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaaatta aaaaaaaaaa 1008 45
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare 50  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 60
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT: 65

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

|    |                                                                                   |
|----|-----------------------------------------------------------------------------------|
|    | ttaaaaaaaaaa aaccggccggg tcttgggggtc cattaaaccc atggaaacttc actatccccca 60        |
| 15 | gttagccgtc ccagcggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg ttatggccc 120               |
|    | ggttcaggcc cttataaaag tgaattatag tattaccagc agggtgttt taactgtgac 180              |
|    | tattgtataa aaacaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcac tttccaccct 240               |
|    | gcccatttt gtaaaactgc agtcatctg gacccttta aacacaaaatt taaaactcaa 300               |
| 20 | ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgtttt gattacagca 360              |
|    | gataatgctt tctttccag tcgtcttga gaataaaggaa aaaaaaatct tcagatgca 420               |
|    | tggtttgg tagcatctt tctatcatgt tttgtaaataa ctggagaagc tttgaccaat 480               |
|    | tgactttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaaattt ctattaaact cctgcttaag 540            |
|    | gtgttctaattttctgtgag cacactaaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600             |
| 25 | atttgttgg ttttttatgt ttctataat actgagactt ctaggctta ggttaattttt 660               |
|    | taggaagatc ttgcattgcca tcaggagtaa attttatgtt ggttcttaat ctgaagtttt 720            |
|    | caagctctga aattcataat ccgcgtgtc agattacgtt gaggaaagatc ttacaacatt 780             |
|    | ccatgtcaaa tctgttacca tttatggca ttttagtttc atttaagaat tgaacataat 840              |
|    | tatttttattt gtagctataa agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900            |
| 30 | acctaagact atttaatgtt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960             |
|    | gttccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccataactg cagatgggtc 1020           |
|    | atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat ttaggtgtta ttacctgcta ttgtattgc 1080             |
|    | ttagtgcctt gcttaatttcc aattatttgc ataataatgtt ctaccttaag aaaacaggtt 1140          |
| 35 | tatgtaccaa agtaatgggtt ttagatggat gatgtcattt catgggcctt tagcatagtt 1200           |
|    | ttaagcatcc tttttttttt aagtgttga aagtgttta gcatcttgat actcaaaggaa 1260             |
|    | taagacagac aataatactt cactgaataat taataatctt tactagttt cctccctgtc 1320            |
|    | tctttggccac ccgataactg gatatctttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt 1380           |
|    | taagatataatgtt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgc gtttttgagc 1440         |
| 40 | agtgtgcagt ttagggttca tgataaaatca ttgaaccaca tggtaacaa ctgaatgca 1500             |
|    | aatcttaaac tcattagaaa aataacaaaat taggttttga cagcattct taatttggaaat 1560          |
|    | aatggatcaa aaatagtgg tcatgaccc accaaacacc ctgtctactataaaaatcaa 1620               |
|    | ataacactta gaagggatgt tatttttagt tagggtttct ttagtttgc ggtatgttagt aagactcagt 1680 |
| 45 | aagttaaaaa ttgaatttgg taacccaaagg actgattttt gggctttcc tatcttaacc 1740            |
|    | aacgtttct tagtaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgttagt aagactcagt 1800             |
|    | aaaaaaagtgg attttaaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaaatcc ttttagcaaa 1860          |
|    | ctgttatata ttgcttaagtt tgttcttta acagctggaa ttatataaga tgcattat 1920              |
|    | tgatTTTATT cactgcctaa aacactttgg tgggtattga tggagttggg ggattttcc 1980             |
| 50 | ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct ttcatccaa agtttgcac atcatgtttt 2040              |
|    | ctaacggaaa aaaaatgtttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct tttagattaa 2100          |
|    | ggaaaaataaa ataactctt ttaggttgc tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2160             |
|    | gtataatggc atttgcgtgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat 2220           |
|    | ccaattccctt ttgcttgcataa aataaagttt taccaggatgttataaaaaaaa aaa 2273               |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3448 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

tgtgggccac tgtggtagtg gaggtggggt gtttgggagg ctgcgtgcca gtcaagaaga 60  
aaaaggtttg cattctcaca ttgcaggat gataagtcc tttcctttc tttaaagaag 120  
ttgaagttt ggaatccctt ggtcccaact ggtgttgaa agtagggacc tcagagggtt 180 30  
acctagagaa caggtggtt ttaagggtt tcttagatgt ttccacaccgg aaggttttt 240  
aacactaaaa tatataattt atagttttagg ctaaaaaagta tatttattgc agaggatgtt 300  
cataaggcca gtatgattt taaatgcaat ctccccttga tttcttctgc ctttgatgtt 360  
acagatttta tacagtttat tttaaagat agatcctttt ataggtgaga aaaaaacaat 420 35  
ctggaagaaa aaaaccacac aaagacattt attcagcctg tttggcgttt cccagagtca 480  
tctgatttggc caggcatggg tgcaaggaaa attagggatc tcaacctaag ttccgttccg 540  
atgaattctt atcccccttgc ccttccttta aaaaacttag tgacaaaata gacaatttgc 600  
acatcttggc tatgttattt ttgttatttt tatttagaa gtgttgaagg gaggtggcaa 660 40  
gagtgtggag gctgacgtgt gaggaggac aggccggagg aggtgtgagg agcccccaaca 720  
acttcctgtc ctactaccgc ctcacacgc tccctctccag agtgcacatc tgcgttccgg 780  
actgcctccg ggccctgccag gagcagatcg aagccctgtct ggagtcaagc ctgcgcagg 840  
cccagcagaa catggacccc aaggccgcgg ggaggaggaa aaaggaggag gaggagggtgg 900  
acctggcttg cacacccacc gacgtgcggg acgtggacat ctgaggccgc caggcaggcg 960 45  
ggcgccaccgc ccacccgcag cgaggccgga gccggcccca ggtgtccccc tgacagtccc 1020  
tcctctccgg agcattttgc taccagaagg gaaagcttca ttctccttgt tttgggttgt 1080  
tttttccctt gcttttccc cttccatct ctgacttaag caaaaagaaaa agattaccc 1140  
aaaactgtct taaaagaga gagagagaaa aaaaaatag tatttgcata accctgagcg 1200 50  
gtgggggagg aggggtgtgc tacagatgtt agaggattt ataccccaat aatcaactcg 1260  
tttttatatt aatgtacttg tttctctgtt gtaagaatag gcattaacac aaaggaggcg 1320  
tctcgggaga ggatttaggtt ccatccttta cgtgtttaaa aaaaagcata aaaacatttt 1380  
aaaaacatag aaaaatttagt caaaccattt taaaagttaga agagggttt agtagaaaa 1440  
acatattctt gtgtttttcc tgataaagca cagctgttagt ggggttctag gcatctctgt 1500 55  
actttgttg ctcatatgca tgcgttact ttataagtca ttgtatgtt ttatattccg 1560  
tagtagatgt gtaacctttt caccttattt atggctgaag tcacctcttgc ttacagtatg 1620  
cgtaggggggg ccgtgtgcatt gtccttgcg cctgtgacca ccaccccaac aaaccatcc 1680  
gtgacaaacc atccagtgtt ggttgcgg gcaccagcca gcgttagagg tcggaaagg 1740 60  
ccacctgtcc cactcctacg atacgctact ataaagagaa gacgaaatag tgacataata 1800  
tattcttattt ttatactttt cctatTTT tagtgcacctt tttatgtatg gctggtttc 1860  
tacccaaacgg ccctgcagcc agctcacgtc caggttcaac ccacagctac ttggttgtg 1920  
ttctcttca tattctaaaa ccatccatt tccaaggact ttcagtc当地 taggtgttagg 1980 65  
aaatagcgct gttttgttgc tgcgtgcagg gagggcagtt ttctaatggg atggtttggg 2040  
aatatccatg tacttgcatttgc caagcaggac tttgaggca gttgtggccca ctgtgggtggc 2100

|    |             |             |             |             |             |            |      |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|------|
|    | agtggagggtg | gggtgtttgg  | gaggctgcgt  | gccagtcaag  | aagaaaaagg  | tttgcattct | 2160 |
| 5  | cacattgcca  | ggatgataag  | ttccttcct   | tttcttaaa   | gaagttgaag  | tttaggaatc | 2220 |
|    | cttggtgcc   | aactgggtt   | tgaaaagtagg | gacctcagag  | gttacctag   | agaacagggt | 2280 |
|    | gttttaagg   | gttatcttag  | atgtttcaca  | ccggaagggtt | tttaaacact  | aaaatatata | 2340 |
| 10 | attatagtt   | aaggctaaaa  | agtatattt   | ttgcagagga  | tgttcataag  | gccagtatga | 2400 |
|    | ttataaaatg  | caatctcccc  | ttgatttaaa  | ccttcgcct   | ttgatgttac  | agattaata  | 2460 |
|    | cagtttattt  | ttaaagatag  | atcctttat   | aggtgagaaa  | aaaacaatct  | ggaagaaaaa | 2520 |
|    | aaccacacaa  | agacattgat  | tcagcctgtt  | tggcgttcc   | cagagtcatc  | tgattggaca | 2580 |
| 15 | ggcatgggtg  | caagggaaat  | tagggtactc  | aacctaagtt  | cggttccgat  | gaattcttat | 2640 |
|    | cccctgcccc  | ttccttaaa   | aaacttagt   | acaaaataga  | caatttgcac  | atctggcta  | 2700 |
|    | tgtatttctt  | gtaattttt   | tttaggaagt  | gttgaaggga  | gttggcaaga  | gtgtggaggc | 2760 |
|    | tgacgtgtga  | gggaggacag  | gcgggaggag  | gtgtgaggag  | gaggctcccg  | aggggaaggg | 2820 |
| 20 | gcggtgccca  | caccggggac  | aggccgcagc  | tccattttct  | tattgcgtg   | ctaccgttga | 2880 |
|    | cttccaggca  | cggttggaa   | atattcacat  | cgcttctgt   | tatctcttc   | acattgtttg | 2940 |
|    | ctgttattgg  | aggatcagtt  | ttttgtttt   | caatgtcata  | tactgccccat | tactagtttt | 3000 |
| 25 | agttttctct  | tagaacattt  | tattacagat  | gcctttttt   | tagtttttt   | ttttttatg  | 3060 |
|    | tgtatcaattt | tgacttaatg  | tgattactgc  | tctattccaa  | aaaggttgt   | gtttcacaat | 3120 |
|    | acctcatgct  | tcacttagcc  | atggtgacc   | cagcgggcag  | gttctgcctg  | ctttggcggg | 3180 |
|    | cagacacgcg  | ggcgcgatcc  | cacacaggt   | ggcgggggccc | ggcccccagg  | ccgcgtgcgt | 3240 |
|    | gagaaccgcg  | ccgggtgtccc | cagagaccag  | gctgtgtccc  | tcttctcttc  | cctgcgcctg | 3300 |
|    | tgtatgtggg  | cacttcatct  | gatcgggggc  | gtagatcata  | gtagttttt   | cagctgtgtt | 3360 |
|    | attcttgcgt  | tgttagctatg | gaagttgcatt | aattattatt  | tatattataa  | caatgtgtct | 3420 |
|    | acgtqccaca  | gggcgttgta  | ctgttagga   |             |             |            | 3448 |

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1574 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

65 gctctctgct ccgggcagg cgccgcaggc gcccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tgtcgtggg cggacggcg  ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcaac 120
agagccccggg acgtgcgcgc ttgggtgcacg atccctgaagg ggagctccga ggggccccggg 180
tcgcccaggcc tgctgcggcc attcccgag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggtt 240
aqqccatccc aqqqctcccg qcqccaccccg tqqccqctgc tgcaqcgqag ggagcgccgc 300

```

ggccgcgggg gctcggagac agcgttctc ccggaagtct tcctcggca gcagggtgg 360  
 agtgggagcc ggagccgcg ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgcctg 420  
 cagccctcg cgccccctg ctggctgcc tctgcctggc gttgtttgc ctggcgg 480  
 5  
 cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540  
 ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaccg actgttagaga ccctccggat tactggacaa 600  
 tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtataatc atcgtggccc ttcaatttag 660  
 aagagattaa ggatctttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcg 720  
 ttccaatcg cagccgcctc tggaaagcatg agtggaaaaa gcatgggacc tgccgc 780  
 10  
 aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840  
 agctggacct caacagtgtg ctctaaaat tggggataaaa accatccatc aattactacc 900  
 aagttgcaga ttttaagat gcccttgcca gagtatatgg agtataccccc aaaatccagt 960  
 gccttcacc aagccaggat gagaagttac agacaatgg tcagatagaa ctgtgcctca 1020  
 15  
 ctaagcaaga ccagcagctg caaaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc 1080  
 aggaagtctg gctggcaat gggccgcgg agagccggg tctgagagtc tgtgaagatgl 1140  
 gcccagtctt ctatccccca cctaaaaaaga ccaagcattt atgcccagaat ttggaaata 1200  
 ttctgttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaa 1260  
 gtgaagtctg ttatatttc tttttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtggccc 1320  
 20  
 tgttagtgta gtgcacatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgcccacg cctgggtggc 1380  
 tggggataaaa ggtcgcgggat ttgttttaggg tttttctct gttaaactct 1440  
 tcagtgcggc ggttagatcag gcagggtata ttgggattta gacaggtggc accggttcag 1500  
 gggactccg ctggcggag gttttccccc tgggagccgg ctgcctgt ttggggagg 1560  
 25  
 ggcctgggaa aggcc 1574

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

60

ccggagtgtat ttaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60  
 ggtgtgtgtg ccgctgcgcgc gcgaccgcgg agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120  
 gaggcccgac ccgagtgca tccagaagcc ccccccagcgg aggccgcaga gtaaaagagc 180  
 65  
 aagctttgtt gagataatcg aagaactttt ctccccctt tttttttttt agtgggtggc 240

# DE 198 13 839 A 1

ggtactggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtctttttt 300  
 attttacttt ttttaagca ccaaattttg ttgtttttt ttttctccc ctccccacag 360  
 5 atcccatctc aaatcattct gttaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420  
 cttcttcctc tgccctgtt ctcttttatt ttttatttt tcgcatacgat attaatgtt 480  
 ttgcatactt tgcatctta ttcaaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540  
 ccatatatga aggagatggg tgggcaaaa agggataatca aatgaagtga taggggtcac 600  
 aatggggaaa ttgaagtggc gcataacatt gccaaaatacg tgcgcacta gaaatgggt 660  
 10 aaagctctt tttttttt ttaaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcagg 720  
 ttacaacact acaagtctt agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780  
 ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggat tcatttaaac cataggaact 840  
 tttcaattat ctcatgttag ctgtaccagg cagtattaa gtagaactac aagttgtata 900  
 ggcttattt gttattgtgt gtttatgacc ttaataaaat gtaattatgt attaccagca 960  
 15 gggtgtttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa 1020  
 gtttgcact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcatttgg accttttaa 1080  
 acacaattt taaaactcaac caagctgtga taagtggaaat gttactgtt tatactgtgg 1140  
 tatgttttg attacagcag ataatgctt cttttccagt cgtcttgg aataaaggaa 1200  
 20 aaaaaatctt cagatgcaat ggtttgtgt agcatcttgc tstatatgtt ttgtaaatac 1260  
 tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaaatgtt actttgctt caaaaattgc 1320  
 tattaaactc ctgcttaagg ttttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa 1380  
 atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgcgtt tttttatgt tctaataata ctgagacttc 1440  
 taggtcttag gttatTTT aggaagatct tgcatgccc caggatggaaa ttgttgcgtg 1500  
 25 gttcttaatc tgaagtttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtg 1560  
 aggaagatct tacaacatc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttgttttca 1620  
 ttttgaattt gaacataattt atttttattt tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt 1680  
 tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaaa atttcataaa 1740  
 30 gccattctct tgcatttcgt gtccagaaac aaattttaaa ctgagtggaa gtcataa 1800  
 tccatactgc agatgggtca tgaatgtga ccaaattgtt ttcaaaaattt gatgggtat 1860  
 tacctgctat tgaatttgcgt tagtgcattttt ctaatttcca aattattgca taatgttc 1920  
 taccttaaga aaacagggtt atgttaaaaaa gtaatgggtt gtaatggatg atgtcagttc 1980  
 35 atgggcctt agcatagttt taagcatctt tttttttttt ttttggaaag tttgttagca 2040  
 tcttgcgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatcttac 2100  
 tagtttacctt cctctgcctt ttgcaccccg ataactggat atctttccct tcaaaggacc 2160  
 ctaaaactgtat taaaattttaa gataatgttca ttttgcattaa tgacatctg 2220  
 ttttgcgtt tttgagcgtt gtcagttt ggggtcatga taaatcattt aaccacatgt 2280  
 40 gtaacaactg aatgccaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaatttag gtttgacac 2340  
 gcattcttaa ttgaaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt 2400  
 gctactaata aatcaaata acacttagaa gggatgtat ttttagttt ggtttcttga 2460  
 tcttggagga ttttggaaag tttttttttt aattttggaa ccaaaggact gatttatggg 2520  
 45 tcttccttat cttaaaccaac gttttcttag ttaccttagat ggccaaatgtc agtgcctgg 2580  
 atgttagtaag actcagttaa aaagtggatt tttttttttt aactccaaag tgaatagtca 2640  
 aaaatccctgt tagcaaactg ttatataattt ctaagttttt tcttttaaca gctggaaattt 2700  
 attaagatgc attatTTTttaatttcac tgcctaaaac actttgggtt gtattgtatgg 2760  
 agttgggttga ttttccctca agtattttttaaa taaaatttga cgtatctttt catccaaatgt 2820  
 50 ttttgcatttca atgttttca acggaaaaaa atgttaatattt ggtttttt tattactaaa 2880  
 aataagctttt agatiaagga aaaataaaata actcttgcac agttcgtat tttttttttt 2940  
 atctgttattt gcaatgttta taatggcatt tgcgtgggtt acaaaaatact tccctgggt 3000  
 tataataatc atttgcatttca attccattttt cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat 3060  
 aaaaaaaaaaa 3070

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31:

- 60       (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel

65

## (D) TOPOLOGIE: linear

|                                                                                                    |    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 5  |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                                                                           | 10 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN                                                                             |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                                                     |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                             | 15 |
| (C) ORGAN:                                                                                         |    |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT:                                                                           |    |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library                                                                       | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:                                                           | 25 |
| tggggctgga gtgcactagt cttttgctt ggtagtttg catggtttag gttaaaaat 60                                  |    |
| aattccgaag atacaccagc tcacaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120                               |    |
| tgcccaaagt gaatttggta ctcagaaaag aactgttat accactcacc tttctcccag 180                               |    |
| catgtactca ctgtggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240                               |    |
| gtaggaaact caaatattctt ctctaaccat atacgatagg gctctcgct ttaatgata 300                               |    |
| tctggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcaactaca taatgtcatt 360                               |    |
| tgaacctcac aatgttcttggatggagtc agttgtttag ggtccccgtg tgtgtgataa 420                                |    |
| gcagtgcctgg ctggctgtct tcagaactctt tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480                            |    |
| actttgagca aggctgcctt ctgttagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagt 540                               | 35 |
| gcatttgttt cctagcaga ttttagcacct ttttgccacc ttggtaaca gaaaattgta 600                               |    |
| tittccctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660                              |    |
| actgccttc ccctcatttgc gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720                              |    |
| tgggtctccc tccccatctt ggtttccacc cccggctgac tagctctgtt gtttgaaga 780                               |    |
| ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggcttagtta gctttcttta tcaacctgct 840                             | 40 |
| cactcacaaa tgggtccctt cagccagaga gtaagaaagc ccaaatactgt tacagcttct 900                             |    |
| aaaaaaaaatag atttctaatt tgcctactc atgttaggag cattatctt' gaaggtaaaa 960                             |    |
| catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020                             |    |
| gcttcagcaa tggaaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggcc 1080                             | 45 |
| gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggaccr aattggcat 1140                              |    |
| tgggttttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctctg taggctttta attcaatggc 1200                              |    |
| aactctattt caaagaataa aagccttgg agagttcgg cagttctggg ggcgggctca 1260                               |    |
| ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgctt ctgaatggac 1320                             | 50 |
| ttccccacctc ctctctcttgc ctctgatgct tgcctctgg cctctccatg cccaaagggtgg 1380                          |    |
| tcttcatcc ttgacaggtt ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg 1440                              |    |
| taaaccagag ctgggtctca tggccctcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag 1500                             |    |
| ggccatccat acccaccacca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcattat tagtttttt 1560                          |    |
| ccagggcaac catccagata gagattccctt ctttccttgc agcagtgc tcaagagctc 1620                              | 55 |
| cgtgcctgac cacaatgacc tagagtgcatt cctgcattt gtcagtgttag cccctcgccc 1680                            |    |
| ctatattcat ccaggataact tggaaatgtctt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740                          |    |
| gctaccatct tccctgaagc aggaaaaatga acatggactt aaatgttctt tggaaaaacc 1800                            |    |
| aaagtttaa gatttgcgtt gtatgtaaat gacaggggagg gccggagtc gcaggtgcca 1860                              | 60 |
| gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgtt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920                            |    |
| tgcccttagca gagccccagcc cttggccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980                          |    |
| tgatttcttgc tttaggttgc attataataa caagagtca g aacattaatt cggaaacaact 2040                          |    |
| tgcaatgc atttcttac accagtagat tcttaagttt acttgittat aaggaataac 2100                                |    |
| ataaaactaat ctgtacctt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaaactgt 2160                             | 65 |

tagtgtacat ggtaatgatt tattgtatg ccccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220  
 5 cgcacgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacccct2280  
 gtgtttggac ctcttagggag gagggtttg gtcataactct ctttatcctc gtgcacagaa2340  
 atgctcaggg tccccatgtg cctgttgc agccctctt ctttccct ttctgagcat2400  
 gtggcccttc cccaggctgt gggacagctg cttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460  
 gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520  
 catgtgaggt gggataatcg agtttcaatg acccacgtca gttacacatt aaagccagac2580  
 10 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttagca ttgtgtaaat2640  
 aaatctgaat gtgttaact ttgtactggt aatttctgt atatttggaa tatttgggtt2700  
 aaaaataaaaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

50 ggcggcgggg aggggggggg cgatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60  
 gtgccttcc cggagcgtgc cctcgccgtc gagctccct gaacagcagc tgcagcagcc 120  
 atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttcacgtgg cgcccaagctt ggggtgttc 180  
 gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgtctgg acggccggct gcagaagccc 240  
 tcgtggcacc cgccccactg ggtgctggc cctgtctgg gcacgctcta ctcagccatg 300  
 55 gggtaacggct cctacactggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360  
 cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catctcttt 420  
 ggtgccgcac aaatgggctg ggccttgggt gatctctgc tggtaagtgg ggcggccgca 480  
 gcactaccgt ggccttggac caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgttc tacccttacc 540  
 60 tggcctggct ggccttgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600  
 ggcgtgggg acggcggctg ccagagttag tgcccgcccc accaggact gcagctgcac 660  
 cagcaggtgc catcacgtt gtatgtggt ggcgtcactg ctttcatgac cactggcct 720  
 gcttagtctgt cagggccttgc gcccagggtt cagcagact tcagaggtgg ccccacctga 780  
 65 gcccccaccc gggagcaatg tcctgtgtt tctgcatgt tagagcatgt tcttggaaaca 840  
 tgaaatttta taagctgaat aaagtttttgc acttccttta aaaaaaaaaa 890

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 5  
 (A) LÄNGE: 693 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 10
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 15
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgtcctttca tccggcggtt tgccctgcagc aagatggcgg cggctctcaat gtcagtggtt 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaaggcgta gtggctgttag ctgccctttc cggtccagg 120 35
gttccgacca ggtcggttgcg gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattt gatatcacta cttaactgg cggtccagaa 240
gagcatataa aaactagaaaa agtcaggatc ttgttccttgc ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaaa atgaaagatg gagtttgcata ccagggagcg atggaaaaat 360
cccttgcgttgg gttgggcattt aacggctgtat cccttatcca acatggttct aacccatgt 420 40
actaaagaag atgcagtttc ctgtcgagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaaggttc caaaaacccaa gtccaaatgt tatggtgcaaa actttcttgc gaacaaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactataatct ctgtttgtact gtgaataaaag 600
tcagctatgc agtattttata gtccatgtat aataaataca tctcttaatc tcctaaataaa 660 45
ttggacctttt aaactacaaa aaaaaaaaaaaa aaa 693

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50  
 (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 55
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 60
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

gcagactcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60  
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcg ggagacagtc tgctccctca agttcggccga 120  
20 ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggtcccgc gtcctccgg 180  
gacgcctct tcctcagca ccgacactcc gtcaccggg accccctgca cccctacgcc 240  
gtcccctggc agtcctccat gccccagtcg ccacaacggc tggggctcg ctctcggcc 300  
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgccggccctg cccatgggtt ctcaggccag 360  
25 gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420  
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480  
cagtgaagtg ttttgtgcct gctgaagtga tcaccccccgg ccccccagccccc tgcataaggc 540  
cacaggtctt ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaaat 600  
30 cccaggcccc cccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660  
ggcattaaaa cgttgcaaat tccttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720  
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggtg ctacctcctt tccagacaga 780  
tgagagaggg caggactcta ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840  
35 gcacgggagg ggaggtgacg gctggact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900  
acttaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctttgcgcgt gagtgttagga 960  
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt ttttgcgcgt tggccacgg ccatgcgtgg 1020  
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatattt gctggaaaagg acgggtggag gattacaggc gtgagccact gcgcggcc 60  
 acattcagtt ctatcaaag aaataaccca gacataatct tgaatgatac gattatgcc 120  
 aatattaagt aaaaaatata agaaaagggtt atcttaataa gatcttaggc aaaataccag 180  
 ctgtatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct ccaaaaacag taaaaataac 240  
 cacttttgt tggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300  
 actgcctgaa ttgagaattt tgattttta aagtgtgtt ctttctaaat tgctgttcct 360  
 taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcatgtaa aaaatacaaa 420  
 attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgtatgtaa aaaaatacaaa 480  
 cattctaatt aaaggcttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaaagaa aaggggaaagg 540  
 g 541 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg ccattcacca acccgccccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60  
 acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcataataa ctgtgcagg 120  
 gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgtatgtt ggactaaggc 180  
 agaaactgac caccttttgc acctcagccg ccgccttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240  
 tgaccggat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300  
 ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcggggctgtg ccaggcacag accttaagat 360  
 accagtattt gatgtctggc acgaacgacg gcggaaaggaa cagcttgcgc gtctctacaa 420  
 ccggacccca gagcagggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480  
 ggccccggaaag aaggagcggg agaaacgcac ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540  
 agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600  
 gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcataaagt ttccagactt 660  
 caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtgggaca 720  
 65

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgtc gctggagctt ggtgtggagc tgagcccac 780  
 acctacggag gagctggtc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840  
 5 gagctcaagc aggcctgtgc caactgcag tatgagctgc agatgctgc gcaccgtcat 900  
 gaggcactgg cccgggctgg tgtcttaggg ggcctgcca caccagcatc aggcccaggc 960  
 ccggcctctg ctgagccggc agtactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc 1020  
 atcattgtatg tggtggccgc acccctcact cccaaattcga gaaagcgacg ggagtgcggcc 1080  
 tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg gggtgtggcc 1140  
 10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaaa 1187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 25

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

45 gggtagaaat cggttagagcc agaaactcac tttttagatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60  
 ctggattcta aatcggtgcc tttattccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120  
 tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgcaccc ttctccctca ccaagtcctt 180  
 ctcagcaaat caacccctggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240  
 tcttggaaat gatcgaaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300  
 50 aagaagtgtt ctatgcagtc aaagtttac agaagaaagc aatccctgaaa aagaaagagg 360  
 agaagcataat tatgtcgagg cgaaatgttgc tggtaagaaa tgtgaagcac cccttcctgg 420  
 tgggccttca cttctcttc cagactgctg acaaattgtt ctttgcctca gactacat 480  
 atgggtggaga gttgttctac catctccaga gggAACGCTG cttccctggaa ccacgggctc 540  
 55 gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggcttacct gcattcactg aacatcgttt 600  
 atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660  
 acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720  
 cggccggagta tctcgacactt gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780  
 ggtgggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctggccct ttttatagcc 840  
 60 gaaacacagc tgaatgtac gacaacattc tgaacaaggc tctccagctg aaacczaata 900  
 ttacaaaattc cgcaagacac ctcctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcgac 960  
 tcggggccaa ggtacttc atggagatta aggtcatgt cttcttctcc ttaattaaact 1020  
 gggatgtatct cattaataag aagattactc cccctttaa cccaaatgtg agtggggcc 1080  
 65 acgacacctacg gcactttgac cccgagtttac ccgaagagcc tgccttggcc 1140

DE 198 13 839 A 1

agtccccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttccctag1200  
gctttccctta tgccgcctccc acggacttcc ttccctctgaac cctgttaggg ctgggtttta1260  
aaggatttta tgggtgtttc cgaatgttt agttagcctt ttgggtggagc cgccagctga1320  
caggacatct tacaaagagaa ttgcacatc tctggaaagct tagcaatctt attgcacact1380  
gttcgcgttga agcttttga agagcacatt ctccctcagtg agctcatgag gtttcattt1440  
ttattcttcc ttccaaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gtttagagtgc cgcccttagac1500  
ggaggcgagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggcttcc tgcagatctg1560  
tctgggcgtgt gatgacgaaat attatgaaat gtgcctttt tgaagagatt gtgttagctc1620  
caaagctttt cctatcgcag tgggtttttt ctttattttt ccttgtggat atgctgtgt1680  
aaccgtcggt tgagtgtggat atgcctgatc acagatggat ttgttataa gcatcaatgt1740  
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt ctccatatt tggaaagataa1800  
atttatgtgt agactttttt gtaagatacg gttaaaaactt aaaattttattt gaaatggctc1860  
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgtc gctacaataa ttcttatttt1920  
tagaaagggtt ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgtt gttttttca1980  
ttgtttaaaaa tgtcacctgt aaaatggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040  
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100  
acttacaggc ttatttgtaa tggtaaaccac cattttatgt tactgttaattt aacatggta2160  
taatacgtac aatccctccc tcataccatc acacaacttt ttttgggtgt gataaaactga2220  
ttttgggtttt caataaaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaaaaaaaaaaa gggggccggccg2280  
C 2281

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30  
(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 40:

```

gccccggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagaccgcg cgagcagacg cggccctggc 60
gccccccctg cgcaactcacc atggcgatgc atttcatttt cttagataca gcgtgtcttc 120 60
tggttggattt ctggagtgtc cacagtccgt ctggcatggc ctttcgtgt tggtgtctcc 180
tgcttctggc tgtaactgtat gaaggcatca agttggcaa agccaagctg ctcAACCCAGG 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgccagagaca gacggggact 300
ctgcaggcgc agatttcattt cctgttggca gaacccacca cagggtggtat ttgtgtcaact 360

```

ttggccagtc tctaattccat gtcattcagg tggtcatcggtacttcatc atgctggccg 420  
 taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggctt gggctctgt gtgggctact 480  
 accttagctta cccacttctc agcacagctt agctggtag gAACGTGAG gcactgaaggc 540  
 5 tggagggaca tggagcccccc tcttccagac actataacttc caactgcctt ttcttctgtat 600  
 ggctattcct ccaccttatt cccagccccct ggaaactttg agctgaagcc agcaacttgct 660  
 ccctggagtt cggaagccat tgcaagcaacc ttcccttctca gccagcctac atagggccca 720  
 ggcatggctt tgggtctaa gacagctgt gtgaccaaag ggagaatggg gataacaggg 780  
 10 gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840  
 agatttcaag ccagggagaa ggggttctgg tggatgcaggg catggAACCT ggacaccctc 900  
 agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatgcggc attggacttc ctgacccctt 960  
 ctgtcttga gggacagaga ccaagctaga tccttttct caccttctg cctttggAAC 1020  
 acatgaagat catctcgct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tattttccca 1080  
 15 attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcataaaaa aaatttttaa tgaaatgatt 1140  
 tcatttatttgc atgatggatg gcagaaaactg ctgagacca ttcccttttcc ttggggagag 1200  
 aataagtgc acgtgattaa aggagagac acaggactgc ttccaggctc ctggtttatt 1260  
 ctctgataga ctgagctctc tccaccagaa ggcactggct gcaggaagaa gatgatctgal 1320  
 20 tggccgtggg tggctggaa gctttcggt gcctcaatgc cctcccttat cctcatctt 1380  
 ctcttatgca gaacaaaaaag ctgcattctaa taatgttcaa tacttaatat tctctatatt 1440  
 ttacttactg cttaactcgta atgatctgtt ggggaaacat gattcattca cttaaaaatac 1500  
 tgattaagcc atggcaggtt ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt 1560  
 25 tgagtttagat gggactctct ggtatgttgc accttcttcac tttataaaaa aggaaagaga 1620  
 gaaaatcact gctgtataact aaatacctca cagatttagat gaaaagatgg ttgtaaagctt 1680  
 tgggaattaa aaacaaacaa atacatitttta gtaaatatataa aaattttaaa tagaaaaaaa 1740  
 agaaaaaaagt agcagggtt 1759

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

65

ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaaa caataacgtc attattttaat 60  
 aagtcatcggt tgattgggtcc gcccctgagg ttaatctttaa aagcccaggt taccggcgga 120  
 aatttatgtt gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctggc 180

DE 198 13 839 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 831 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccctc ttgtctcaccc ttgacttgg aaaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60      60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttc 120
agctacccttt actccccttc cttcaattcc actttccctt gcttactttt ttttttttc 180
tgacagggttc tcactttgtc gccccggcag gagtgcagtg gctcaatttt gggctcaactg 240

```

# DE 198 13 839 A 1

cagcctcaac ctcccagagg cggggctca ccatgttgcc cagactggc ttgaactcct 300  
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360  
5 cccgatccgg cctcatgttc ttttcattt aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420  
cccacccccc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480  
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540  
agccaccggcc accaccggcc cggccaccac cgttagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600  
10 agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660  
caatgaagga gacatctgga gtgtcggtgc ttcttcagag ggacgggtga tggcagatt 720  
gaaaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttctttc taaaattgtat gctatgaaaa 780  
tttcgtttt ctgttaactt aaaaaactaa aagttccccg tctactgaaaa a 831

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

acgaagctga ctccctggcca ggccagcccc tggttcccta cccataccccc tggagcttg 60  
cgccagctcac gccttacactc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120  
50 agtacatcggt gtttgtcaca aactacccccc tcaccatttc agggaaagatc cagaaattca 180  
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtccctg 240  
gcccgggtggc ttgactctt cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300  
ccagcacccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360  
55 agctccttggaa tgggtccggg aactcgccctg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagccctg 420  
cccaggccct ccctcctgtc catcccccac attccctgt ctgtccttgc gatttggcat 480  
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 528

60 65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatggac cttaaagcgt tgcagggtcc 60
tgatggac agaggtgtgg ggcccttcag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caatttgtca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaagggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggtcg tggAACGGGT cccggaaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgttccctt gttcttcacaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaaacttgc cctgtatgaaa atgtgagcac tggtagcaga tgcttatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccgaggtc ctcacacctg 600
aatgaatiat acatgtgcct taccagggtga gtggtcttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgccccctg gcgttcccta agtacaaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcccttc atgactttaa caggattctg cccccctgagg tctaattttt ttgttctatt 780
ttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatggggaaaa atgaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatggggagag attagacact ggaggtttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaaatt acaaatttggaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaaa 1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

atccctcca agtataatc cagatttgta tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagt ggtatatgaa ttcttctgta gatTTTgga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgaaa acgatacatt gatcagaata tcgtacaaca gtcctggag 180
cttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctgta agactgttct gcaccgaatt 240
tatggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaac aaattaacaa cattttctc 300
aggtttat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgcgt aacttctgta aatatttagga 360
agtattatca atggcttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaattgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagcttgtt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgtgtac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgtat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggcacaaaac ctgcagtcg aaagaggtga tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcatgaa accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc actttcaag 660
cagatatacca agtgtgtatc cagttctcat tttcaggttg cagaaaggcc attgtacttc 720
tggaaataacg aatataattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcca gtttgcataa aatttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaaac cctaatggaa atgaatggca agctttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaaag acagagagag aaaaagaagg aatttggaaacg tgaagaatta 960
tggaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcg caatacaagt gccgaataaa aaaaaggct cccacctctg1080
ccggataggc agagtttigt atgtttttt gaaaatatgta aaaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccatit ttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatata1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtagt attgttaacct ttgtctaattc1260
attggattta ttgtgtcaact tctgaagttt cacagaaatg aatgaattttt atcatctatg1320
atatgatgt gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattttt ctttgatgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atattttcc cttttataat gtgctttca1440
45 cactgctgca aaccttagt acatcctagg aaaaataact tcctaaaata aaactaagg1500
atcatccta cccttcttctt tgcaccc agaaatatgaa tgggggaaat tacctgcct1560
aaccctccc tcaataaataa cattactgta ctctggatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggctttt aaagcacaaa atataaataa aagctggaa agtaaaccaa aattcttcag1680
50 attgttcctc atgaatatacc cccttcctct gcaatttc agatggtaa cagatggta1740
gaggcagctc aggtgaattha cccagctgc ctctcaattc attccctc ttcctctca1800
aggctgaagg cagggccctt ccagtcctca caacctgtcc ttccacctgt ccctcctgac1860
ccagggatgg aggcttgag tcccacagtg tggtgataca gagactagt tgtcaactgccc1920
tggctttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgttag agctctgaaa aggttgacta1980
55 tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtattttt cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca ttataaaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160

```

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 642 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacggggccg cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagccctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggt taccggcgt ctccgcctt cttctcgcg ggcgtcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcggtgg tgaagcggtt 180
ggtaaaagaa aaagtgtatgt atgaaaaaaa ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaaaaaaag cagcgagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttgaa gcccataatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaaatgaaa aagacttggaa agaagctgag gaatataaaag aagcacgtt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaaggctg aaactttct cgtatgggggt ggtttttgca 480
ttaaatcctg gggtccat tacaatccat tattttgac cactgctaatt tgggtcaag 540
gagggtatggaa gaaatgtcga ttggttttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgtt 600
atttgacaat gcaaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaaa aa 642 40

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

- 5  
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

10 ggcatctggc agaggggggt ggggctggc cagctgggt agagcggagg agcgggtgcc 60  
ggctgaagcg gggcggtggg cgccggacgca atggggcac cgacaccact cctcaccggc 120  
agccgggtgc tgagggcccgc ggtgtgggtg cgccggacagt cagggcgcag gtgggcacg 180  
cgcacggcct gccagccccg ggcgccagaa tcctgcgcgt cggggccgag aggggcgcgg 240  
cgccccggcgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300  
ggcttaccgtg ctcaaggagg gcgtgctggaa gaagcgcagg gcggggctgc tgcatgtg 360  
gaagcggaaac gctgcgtctt caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420  
ggccggccggc ccaaggagct cagttcgcgc cgcataagg ccgtggagtg cgtggagagc 480  
accggggcgcc acatctactt cacgtgggtg accgaaggagg cggcgagatc gacttccgct 540  
20 gccccctggaa agatccccggc ttggAACGCCC agatcacccct aggctggtc aagttaaga 600  
accacggaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg acccttcgtgt 660  
ccttaaaccac cgggcgcacc atctttccctt catgtacccc accacccatcg tgctgaggc 720  
aaggcagctt cgttgttccc tctggctgtt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780  
25 tggaaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gcccctggag 840  
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccgact 900  
ctcaggacat gcccagctca gggcttcga gccacaggcc tggcctata tggcatgagg 960  
gggagctggc ataggagccc cctccctgtt gtggccttc cctctgtcct gcagactgct 1020  
30 ctttagcccccc tggctttgtt ccaggcctgg aggagggcag tccccatgg ggtggccagc 1080  
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacaaaaag gagtacccag ggcctgtac 1140  
ccaggccccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200  
aagcccactc ctgggggtct cctgctgtt aggtcccttt gggaccccca cccatccagg 1260  
ccctttcttt gcacacttct tccccccacct ctacgcacatc tccccccact gcggtgttcg 1320  
35 gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccca 1380  
atgaagatgc cctgcaaaagg gcagtaacca caaaa 1415

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

ggcgcaggcgc agtgtgagc ggcaacatgg cgtccaggcgt taagcggcgt gccgtggaaa 60  
 gtggggttcc gcagccgccc gatccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120  
 tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180  
 tcattgacga ggaagtgaat attgaattt aagcttatc cctatcagat aatgattatg 240  
 acggaattaa gaaattactg cagcagctt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300  
 taacagatct ctaattcaa cagaaccata ttgggaggtt gattaagcaa acggatgtt 360 10  
 cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgaggttt tggtttcata agcctttaa 420  
 atttaactga aagaaagggt acccagtgtt ttgaacaaat tcaagagttt gttctacgct 480  
 tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt taaaatgaca 540  
 ccaccaagcc tgtgggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600 15  
 ctctgcccattt gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660  
 catgtggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttggaa gcaggaaaaaa 720  
 acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780  
 aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggagggaa 840 20  
 ggcacacttgc tctgggaggc aaatggtctt ttgatgacgt accaatgcg cccttgcgaa 900  
 ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatac 960  
 tatctgtcta acccattttcc aatggacagt gatggcctt ttttgtaaa attaccagaal020  
 aactcagtg agatttactg aaaaactcag actttatca gattaagttc ctctacaaaal080 25  
 agtagggttc tgtccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140  
 tggtaattt atgagtgggtt gatttaaaaaa cttttccaag aagaagaaaaa gcatggagtc1200  
 gtaatttaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260  
 tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtt aaatccgtct tcgcgtcatg tatctccat1320  
 atccacgcgt tcagccatcc agctacctt gggaccctgc tgcaccttgc gtttgcggg1380 30  
 gagtcactgg agagtgcata tctgttcag ttcaggccac gtctcacaca tttgctgttc1440  
 cttatttcattt gttgacacag gggataggtt atccactact tgctgttagaa tgccttact1500  
 ttcacttagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agtgcataaa atagttcagg1560  
 agagatttctt gaggtaatcc tgatgttagt gttctcagaa atgctgaatt tatgaaagag1620 35  
 gacccactctt ggcacatcc tgggtgattga gtaaccagac agggatgca gctgagcaac1680  
 ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcat1740  
 aaagtaaccg gacagaagag cttttttat gtttagagtt tttccttgg agccaaaagc1800  
 aggttctgca tagggaaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860 40  
 atctgccattt ctgagtgctt aacagtttagt gaaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920  
 gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaagcc ttgtaatgc tgatgagggt1980  
 aaagtatctt cttccggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtaaggccag cctcttcagc2040  
 tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100  
 ttcatctaca cagtccaaattt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160 45  
 aggaaactctt gacatgtga ttccaaattt agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220  
 cagataatctt aagtcttcca atgcctgcat caaacttctt ggtctggc tgttcatgaa2280  
 gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat ccttttcataaaaagccca tgcttggtag2340  
 gttggcttcc tgcatttcgt ctggcttcag tggcgtcatg tcttggagg caaatttttc2400 50  
 agtgtacagg cagaaaaattt ttccatgttca agatgagccca agaatctgt tgctatctc2460  
 tgcctggctc tggctgtatgg gctgcatttgc gagcgagttt gctcttattt tcgggttgc2520  
 caccttctt cttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580  
 aaactctcca gagcttagttagt ttaacaccac tcttcttgc taaacttggc atctttttc2640  
 tgtttcatcg agtggcttgc acaatgttca aatgttgc tttcttttggatcaaag gaacaaccac2700 55  
 cagttctcca agatctgggtt ttaggttaga tccttgcattt acagtttgc acacttctc2760  
 aatatcttgtt tcacaggccca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccgg agtggtaat2820  
 ttcaaaagata aggcgtaaaaa tagactcaaa agaatttttgc tgacgcctc taaaggtaacac2880  
 aacctccaca ggggtttttt ttttcttc tatgacagggc acgtttccat aataagaatt2940 60  
 gagtttgctt 2949

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccgggt gagcgtcgac 60  
35 cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggtt aggcgtgtgg gggcggagcc 120  
agggccggaa gtagagcggga ggtgggtggcg gcggaggcgtt tggcagctcg ggactgagtg 180  
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240  
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggzaacttg 300  
atccatataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360  
40 ctggaggacc tggatgtct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagctttta 420  
agctcaagca aatgttttgtt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480  
atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggccctgaag aaataaaagta aaattaatct 540  
ggtaatttgtt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600  
45 cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660  
aaaaaa 665

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

15

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctccct gcagtgaatg ctcccttccat tcctgtactc 60
aggcagtgcctt attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat taaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgcctta aaagttcttt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacctgcctc ctgctgttat ctgtgaagct cagggaaatcc 420
aaacattttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttttagaaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaaagat gtttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggttag ccatgcttga gactttttaa aaatataact tttccttaa 660
agtttcagc tatagcaaaa ggttagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atgtgtctt cagaatttga ggcattttct gaatcttaggc 780
aaatcctcct ttacccgtt gaatgttttga aatgccttga ctctaccagc gcccataaaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caacttttggaa aggtaaaaac 900
ccccg 904
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgagat tggggcgc tggtcagct gacccaagg 60
gccttcgagg tgccttagc cgcttgcctt gctctcagaa tcgctgccg catggctgt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgtcgag gccgagaagc ggcagccga gaagggtgtcc 180
gaggcccgc aaaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
atggAACAGT accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgccggcattg 300
ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagt gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
15 ctccagacat acttccggca gaacaggat gaagtcttgg acaacctt ggctttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgtgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgataa tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatta ttccatata ttatataata ggtccttcca 600
20 cttttggag agtagcaaattt ctagtttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catctttta cctcatattt ctttagaatt taatggttat atgttgctt ttttcttat 720
gtctttggc tcaagcaaca tgtatatcag tggtgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattttt tgaagaaagg aagggattaa ataattttt 840
25 tccctaacac ttcttgaag gtcagggctt ttatctatga aaaagtagta aatagtctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggtagaa 960
cagtgaatac tagtggatt gttgggctg cttagtttt ctcttaatca aaattactag 1020
atgatagaat tcaagaacctt ttacatgtt ttacttggg tattcataat catttaaaag 1080
taaagactct gtcatgcaaa tttaacccca tattttttt ttccctgtct ccgtgacaac 1140
30 cagtggttct tcattttga tcatgcgaaa tgcatcttga cccagatggt ctgcagaact 1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

```

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

# DE 198 13 839 A 1

gccctgagga ccctagtcca acatggcgcc gcccagcggaa gggtggAACG gcgtcggcgc 60  
 gagcttgtgg gcccgcgtgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggccgtgtc 120  
 cgagccccacg acggtgtggcgt ttgacgtgcg gcccggcggc gtcgtgcatt cttctccca 180  
 taacgtggc cggggggaca aatacacgtg tatgttact tacgcctctc aaggagggac 240 5  
 caatgagcaa tggcagatga gtctgggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300  
 catctggagg ccccaggggaa agtccatatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360  
 gggcgctgag attgagtagc ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420  
 tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gacaaaaca gcagtggtc acaggcccgg 480 10  
 ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540  
 gtgaccagca gcccgttgc gggtggcacc ttctcatctc cggtaagct gaaggggcct 600  
 gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttcttaggag ggactcttaa gttttctacc 660  
 tgggctgacg ttgccttgc cggagggcgt tgcagggtgg ctgaagccct ggggcagaga 720  
 acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tcctgctgag 780 15  
 ctctctctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaaga gggtggggaa caagtgggg 840  
 ctatTTTGG gaaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgcttttaatt 900  
 gggcttggaaa ccttttttc cggttttcc ccagggggcc gtcctttaa attaaacttg 960  
 agaaag 966 20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

50

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgttt actgacagct gcgcggcggg 60  
 agcggcgcc gcgagcgaaa ggcggcgcc cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120  
 ccacctgcct gcccactgtt cagccttcag ggacccttag caccgcctgg tctttccct 180  
 gtggccagcc cagaactgaa ggcgtcgcc atggcgcgcg cctgcctccaa ggccgtcaag 240  
 tacctcatgt tcgccttcaa cctgccttc tggctggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300  
 ggcacactggc tggccgcac acagggggac ttgcgcacgc tgccttc cttccgtcc 360  
 ctgtcggctg ccaacctgtt catcatcacc ggcgcctttg tcatgccat cggcttcgtg 420  
 ggctgcctgg gtgccttcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttttt ccgggtgtc 480  
 tggttggagg ccaccatcgc catccctttc ttgccttaca cggacaagat tgacaggtat 540 60  
 gcccagcaag acctga 556

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

- 5           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
               (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare  
               (B) TYP: Nukleinsäure  
               (C) STrang: einzeln  
 10           (D) TOPOLOGIE: linear
- 15           (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
               hergestellte partielle cDNA
- 20           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25           (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25           (vi) HERKUNFT:  
               (A) ORGANISMUS: MENSCH  
               (C) ORGAN:
- 30           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
               (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :
- ```

cggggagtg aggagaaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
35 atggcgccag ccgagggccgc gaactgcac atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
  agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttga ctcctacgca 180
  cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
  tccatgtttc ataacccggca cctcttcaag gacaagggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
40 accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gcccggcccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
  tggccatca tctctgatta tgcggtaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
  gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
  atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
  tatgtccggg acaagtggct ggcgcggcat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
45 tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagttac aaagactaca agatccactg gtggagaac 660
  gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
  gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
  accgtcaagg tggaaagacct gacttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaaat 840
50 gactacgtgc acgccttggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
  accggcttct ccaccagccc cgagtcccccg tacacgact ggaagcagac ggtgttctac 960
  atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
  cccaaacgcca agaacaacccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
55 ctgtgcgagc tgcctgcctc caccgactac cggatgcgt gaggccggc tctccggccc 1140
  tgcacgagcc cagggggctga gcgttccctag gcgggttccgg ggctccccct tcctctccct 1200
  ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctgggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
  actgttttt tcataactta tgttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
  60 tggggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga 1349

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare	5
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	15
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	20
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :	
ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60 tcattcacac ccacgcccctt gccccaggct ggcccactta gagcgaaact taactttgt 120 ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgcatt gttgaagagt gagaggtcca 180 agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccacccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240 ccaaacccaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaaaggccgc 300 ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gtaggttag attgaagac ggggcccagg 360 ctgggtatga acgggtgcag ccctttctc ctcttcccccc ccacatctct catgagagag 420 gtagttggcat ttccattctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480 gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcttaa cctcagtccc 540 tttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccacg atttgtatgt ctctttgtct 600 gggggagggg aaggatgtgg ttgcagagc ggaaggcagag tttggaaacg catgagagca 660 gagcttcgtg tggtccacc ctcagtgagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720 gtgttcccac ctcagtgtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780 tgggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840 cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900 gacaagccct caggactgtg gcctccctggc cttgggttcc cttggccac aacatggct 960 ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacgggtg gatgcagggl020 ctgtccccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctgtggl080 atcccttcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg ttgttttc ctatttgtgg1140 ggtatttcc ccctcaggtc cttgggtctg ctgtgcctc aaggtgtcct gaccttgagggl200 ctgtatgggg gacccctgcc tttttcccccc atactgagtt cttagggaggt gtcacccca1260 gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gtcggagaa1320 aggtaacct ccacgcttct ctctcccaa ttggaaatga agacaggtt tcaaaggcac1380 aggctccccc tgccagcttc tagatctt cttgggtgtc aatggggccag ttagggtag1440 gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagagi500 ggattgaggt aacttcaact gggatttcca aggaagggtgg gcaagtagcc ttggctctct1560 cccaccatgt ccatcagat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgaccta1620 ctgaaaagtt gggactgtg ggggccttc attccctttt gttcactttc tccagctca1680 cttgggactt ggggtgggg actggagacc tcacccctgc tcccgccccg cccccccttct1740 atcccaacctt gttccatgt agcagaccct tccttagggag cagggagggg aagccacaga1800 atcccaacctt gttccatgt agcagaccct tccttagggag cagggagggg aagccacaga1800	30 35 40 45 50 55 60 65

# DE 198 13 839 A 1

ttgcaaaccc aggggctcct tttcatttt tictaaaacc ttgatatccct cagccaaagl1860  
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aacccggatc ttgtatcttl1920  
gtataacgga tgttatttgt acgaaggca gttcgtaaac agcacttgtt cttaataal1930  
aagaatgtt tgaaaaaaaaaaaaa tccgaaaaaaaaa a 2021

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

40 gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaaggtaa ggctctggaa ggcttcccccc 60  
gtctcgtggg tcctgacttc ttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120  
gttggatgc cctcagggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180  
atggccatc ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240  
gatgggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggcac 300  
30 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcagg aggctttggc atgacttaag aggaaggcca 360  
gtcttgggcc cgctatgcag gtccctggca acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420  
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ctttgctgtt tcccttgtgt 480  
gaggttccct ccaggggctg gcactgaagc aagggtgctg gggccccatg gccttcagcc 540  
45 ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttccctg aggtcagggtc ttggtaggtg 600  
cctgcatctg tctgccttggcataat cctggaaatc ttttctccag aatccaggcc 660  
aaaaagttca cagtcaaatg gggagggtt ttcttcatgc aggagacccc aggccctgga 720  
50 gctgcaaca tacctaattt ctgtcccaagg ccggatcctc ctgaaggccct ttgcagca 780  
ctgctatccct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840  
55 tttttttttt aaactgagga ttgcattaa acacatgtt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcggggcgac cgccgcccga gccgcacggg agacgcacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgaaa gttccccgtg atctccgtgg tgggttacac caactgcgga 120 30
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgcacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgcgtc cctcacgcac gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctccca gtcggcgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcggtat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccggccgg agtccagaaa tgcagcgtt tgcacgtcgt gcgtggcctg cagctgccc 420
ccccgcctt ggactccatg gtggagggtt acaacaagggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtggccgtgt ctgcctcgtg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaagactga gtcgtatgcg gcgttttga aggccacggg gagacagatc ctcaacttcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcaagctg gctgtataag gaggccacag ttcaaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggccggca cgtgagggtc atcatcagca actcagcc 720
cgccaaattc cggaaagctt ttcaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcgggttgg 780
gggcattcgct gcctggggag ctgaggcggtt accgctgtgt tgggggcagc ttgggttcag 840
gtgcagcagg gtcctccctt tctgttctg caccgtctc gctcccagcc atttgcttgg 900 45
atgaccgtgc aggccgtgt aacggccgc cctgcaccaa agccggccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggcctc ggtgcctgtc gtgaactgt 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aaatccaggc tctcctgcac ctggcgtgag ccgtggccctg gtggcaccga cggccctcc 1140
gccccggctgt ctgtttcac agatggtctc ggtttcccat ggtgggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt 1212

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

ctcccttaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60  
aatcactcat tgtttgcgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120  
gtgtgtctcc tgctggcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180  
ccagctcttg ttctctgact gtttagacttc ttcttcattt gtgaacctct gttcaagttt 240  
agtcttgcca aatttgcgtc ccctccggaa gctgtgcag ccaagttagg agtgaagaga 300  
30 tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattt cgaaagtccct ggtgaaaata 360  
ttgaagaaat gtatgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtcttcaa 420  
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480  
ttgctctcca cgtc 494

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 729 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) Strang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

ttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatccttt gtaagtatta actcgtaat 60  
 cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccga ggacagtctg cggggtcgtg 120  
 acgattctt tcttctgaa gttttccctt ttcctgaetc tcataatgat tcttgccat 180  
 gattctgtct ttcaatgac tgtgcttct actcgaacaa gatccttcc gaggagtgc 240  
 ttgccaagca gcgtgaagg gtctgcccc accagcaga ccttctccag tcgaattctc 300  
 tctccacacg caaggcttag ttcatttcca attaagatca ggtttcaga ggtcacctc 360  
 cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420  
 atctcattca cttctcac gacctgca tggtgtctgg tctcctcaac tgggtctg 480  
 agaacaactt ctggccaagg tggtaactc agggatgtt taggaacata tcctggta 540  
 tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggggaggc tgctccggc 600  
 cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgcctaa ggtgaccgtc 660  
 agggaaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgcagc ctcggccgga aacggaaacg 720  
 acgcaacc 729

5

10

15

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccaact gaggaataga ggccaggcca 60  
 gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaaagcag aaggaggaag acgctggaaat 120  
 cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgcttttag ggtggccatg tgagcacctt 180  
 ggccagatta atctcttcc cccctccatg atgggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240  
 atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcagggtg gtgagctcat cgagagggat 300  
 ggcaagaagt acaagctctt ctatgaaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgt 360  
 gggggcgtgg ctgagtagac agttagtgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420  
 cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480  
 ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540

55

60

65

5 aataaaagttt ttcctacttt aagagccca gaggjaaaaga cagtggaaagt tcctttaaa 600  
 ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660  
 gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcattccg agtcacccag 720  
 cagtgaaatc caatcttcag tgaggcggtgc tagacctgag cagttctacc ctccccaggc 780  
 accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840  
 tctgttattac ttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900  
 acttctctat ctgcacacac aaaatgccca aggcactcac tggggaggaa gcaaggaaagc 960  
 10 aaacagtctg agaaaaatgat gcaagaaaaat caaatggaa tctggggacc caacacaaca 1020  
 tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgct gattggtaca taaatcttt acatggcctt 1080  
 ggtcttagagg aggcaggctt tttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140  
 cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatttg aaataccctca ataaagagag 1200  
 15 agctcattga ctgtaaaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260  
 gctgcagagt ggggtgggtt aggtcagca ctgaccagg ggggtcaaga acaat 1315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

tagaatattc atgtgaggta attcctccct gctgagattt ttcagctcct cttccctgc 60  
 tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120  
 55 ttggaggcaaa gagcagattt gtttttcat tatggatgga gggatgatg gtaaccttat 180  
 tatcaaaaag aggtttgtt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240  
 agaatggggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tggccagagg aggtttatga 300  
 ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtaacg 360  
 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420  
 60 ttagtgggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480  
 agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggtttga atttctcaag agaacaagaa 540  
 ggaagtggaa aagaaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaaggc 600  
 gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tggaaaaga 660  
 65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720  
 ggaaacacctt ccctgagttt ccctccatc cactgccccctt ctgtgcagt atgtatcgcc 780

# DE 198 13 839 A 1

atcccccag gcctgggtgc ctactcggtt ggcggcact cggagtccag ctcagacagc 840  
 gaaggcacca tcaatgccac cgaaaagatt gtctcccca tctccgaac caacacctc 900  
 ctcgaggccc cctagttct ccgtccctac acagggagct cttcccaag gtagatcg 960  
 accgttcatg ctgcctatacg gcattatgtc cttcaaaaaaa aaactccctt gcctgcattcc 1020 5  
 tgttacaac atgacattt taaccaatcc aatctaaaaa tgtccagaa tccacctgt 1080  
 gccccaatcg tgggggttc ctcttctac tccactgcag atgaccaaacc ctgtccgc 1140  
 gccacttcc tcactgatat tggaggagg gcaaggccc gccgaagttt cactaaaaat 1200  
 gccccaggag aataggcacc ggctggctt ccaaagggtt tgggtttat tgcttctgt 1260 10  
 ttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagttt ttggacaggt gttattaaal 1320  
 cattctattt gaaatgaatg tgttgttgg ttctactgca ttgtggagca tgcggggaa 1380  
 gagaactgac ccaggtatg aaatggagcc ttcccttgg actaaccagt cttgtatgtt 1440  
 gtgtgactaa gtaaagatga taaacccat ctgctgggg tgtaacttca cactcgcat 1500  
 gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctc ccaacccat 1560 15  
 ttatgcagga agggactgct aacaagaacg ttccatctc aaacctttc tctgcctgg 1620  
 aaattatttt atgtttgtt ttgaaataaa ggattttatgtaaattctta aatttttagag 1680  
 aaacaacgt aggccctgtt tactaatagc cagacatcag aactgcagg aggtatgtt 1740  
 atagagatgac ttatttcgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtggacaca 1800 20  
 ctgcattt gtgaccatc tattgaggcc ttctctgtt taatgcata tatacttgt 1860  
 cttaactg tggaaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagactt ttctttgt 1920  
 gcctctgtg ctctttcc tttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaa 1980  
 actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a 2011 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30
  - (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 40
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN ..
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 45
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

agggggata gaaggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60 60  
 acgagatcgta gactatgata aggaaaagagg aatgaacga gaaaagaaa gtccaaaggaa 120  
 cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaaag aagacaaaaga tgataggcgg 180  
 cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240  
 gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag gaaacgaa tagaagtaga 300 65  
 agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaatcaaa taaacgaaagt 360

cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420  
 cccagcaaag aaaaacttag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccc caaacgagat 480  
 cacagtata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgta gaaggagcca aagtataaaaa 540  
 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgt 600  
 aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc tttttcccc cacgttgaga 660  
 ttgtgcagta gttcgactc ctcagctct ccctgttaggc tgcatttca tttcctctt 720  
 cgttaggaa agtgccttta taattccatt tattgcattt gttttcac ccaattgtta 780  
 agttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tttttttt tgaaatgtac 840  
 agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttt attccttgg catgggtgcc atgttggta 900  
 aatttgtata aggcaataaa ctgcccactaa tctattttt tttttaggt gtgggattat 960  
 ggtttggta ctgaagtttag catggctgtg cttttgtaa tagaatgtca aagacttgal020  
 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaaatgtac aagaaggcag1080  
 cattgttagga ttaacattct tgcctactgt atattatctt ggaaggctct tttttatg1140  
 ttacacttaa tattctccac agtaccctt agagagaatt tatgagaagt tagttctgal200  
 tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtcctt tagcattcta cctcaaaggg1260  
 acacttagta tgcctaaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320  
 gacatgtaat cttttttct tgaattctt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380  
 aaaattaatg tctaaagcct agcattctt cagaacccta tactaacatg taatggggag1440  
 aggggtgggc agatgagtag agaaaacagat tcaaggcctca agcttccaaa gcatttttat1500  
 aaatggaaaaa tccttaaattt atgaaacagc ttgatataatgt gtccttttt taaaattcag1560  
 aactttttt attgataatg gagattgtc tttgagttt taaacttaat ctagaacagal620  
 ggagtattaa aagtaatgtc gtgtgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680  
 attttctta caactgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgiggaa taaatactgg1740  
 attaaatcct ttatcctggg tcttggcattt tcccccattt gttaaatttt tttagcatat1800  
 ttatattgtg gaaattgtat aaacgtcagt agagtccacac tttgtgtaca gggatgtctt1860  
 agtcccaga tgacaagtga attttggaga aatgcataca ctgggattgg gcatgtggta1920  
 atcaataatc tttatttagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgtaca1980  
 tgtgtcattt gattactttt ttccatgtc 2009

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

# DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagcttgt tgccggaaaca gccccagttc tggtcgaaga 60
gcagggtctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgcct 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccctag ggccttttga ccagggcagc cccttgccc aggagctgct 360 10
ggacgacggt cagcaaggcca gccccttacca ccccgccagc tggcgcagc gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actgggtgtt ctccggagctc ccactcctca 480
gactccgggt gaagtgcacgt ggacctggat cccactgtat gcaagctctt ccccagcgat 540
ggtttcgtg actgcaagaa ggggatccc aagcacggga agccggaaacg aggccggccc 600 15
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctgcaggggca agaagagcaa gcacgcgccc 660
agaggcaccc acctgtggga gttcatccgg gacatcccta tccacccggaa gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtctca agttcctgcg ctccggaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atccctggaaac ggggtggatgg ccggcgactc 20
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaaggagg aagagggtct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggaaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaaacc 1020
ttcctgggg gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct 1080
gtggagagaa gctgatgtt tgggttattt tcaagccatcg tcctgggact cggagactat 1140
ggcctcgct ccccacccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta 1200
tagctgcaag ttttatctctt ttttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaa 1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc 1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact 1380 30
ggcgttcacc tccctgtca gtgttgggc tccacggca ggggtcagag cactccctaa 1440
tttatgtgct atataaaatat gtcagatgtt catagagatc tattttttct aaaacattcc 1500
cctccccact cctctcccac agagtgcgtt actgttccag gcctccagt gggctgatgc 1560
tgggaccctt aggatggggc tccctggctc tttctccgtt gaatggaggc agagacctcc 1620
aataaaagtgc ctctctggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtt actgaaaattt 1680
gggcctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggagggag gaaaatgaag gtctaccagg 1740
ctgaggggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcaggtgtg 1800
ggcttacaga cacatggact gggctggag gcgagcaag gaagcagctg agactgttgg 1860
agaacgctta caagacttca tgcagacaa gacatgaact cagaacactg aggtcagaag 1920 40
catcctgtt gtcgttgc tcatgacacc gctcgagtga ctttgcaccc gaccaagtct gtcctgttta 1980
ggactgatt ttcctattag gctagggttt ggacctgtat ttctcaagat gtctagaatt 2040
gcattggctgg ctttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tggaaactgt 2100
atatctgtaa tatgaatccc agctttttag tctgacaaaaa tcaagatgtt gatcttggtaa 2160
aggtggagat gagtacttgc tggaaaagaa tgggggaaagg agtggcatt tggtaaaagt 2220 45
atagtctttt tctctgggt ttttaattt caacttttac tttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5       (vi) HERKUNFT:  
           (A) ORGANISMUS: MENSCH  
           (C) ORGAN:
- 10      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
           (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 15      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaaacc tcttaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
20     tctttccaa gacctttcaa agccattta ggctgttagg ggcagtggag gttagaatgac 180
     tccttggta ttagagttt aaccatgaag tctctaaca tgatatttct tcacctctgc 240
     tactcaaga gcatttactg tgtcttttgtt ttgtgctagg ccccccgggtg tgaagcacag 300
     acccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
25     aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaaacact gatttcccct 420
     tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac tttcatttggaa aattaggatg 480
     taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
     gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgtt acttccatgt gagggttttc 600
     agcattgata ttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacattt 660
30     ggtattcgct tgagaaaaaaa agaatagttt aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
     ccaggattcc tcttttcttcc gccataaaatg attaattttaa tagcttttgtt gtcttacattt 780
     ggtagccagc cagccaaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattt ggttccattt 840
     tcacctatcc acacaacata tccgttatata tccctcttac tcttacttcc cccaaatttt 900
35     aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccccatt tctctcctca cacacagact 960
     catattactg gtaggaactt gagaactttt tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
     tattaataca atgatgtat ttgcaatttcc tgctccttggg gggggggaga taagaaaccc 1080
     tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttcc catggccgtg tagaagcatg 1140
40     gtgccctggc ttctcttgagg aagctgggggt tcatgacaat ggcagatgtt aagttattct 1200
     tgaagtcaaa ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgtt 1260
     tctagaaaaga atattttgtt ttccctgtata ggaatgagat taattccctt ccaggtattt 1320
     tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatecctattt 1380
     agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaaacaaac attgtatgtt acagtcatgc 1440
45     agtctggag tggggaaatg atcttttgtt cccatccctt tcttttagca gtaaaaatagc 1500
     tgagggaaaa gggagggaaa aggaagttt gggaaataacct gtgggtgggt tgatccctag 1560
     gtcttggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttcc ccatccccctg tggaaattt 1620
     gttagctcat ttactgtttt aggtcttagcc tatgtggatt ttttccttaac atacctaagc 1680
50     aaaccctagtg tcaggatgtt aatttttattt ctttcgttca gttaagttt tcccttcattc 1740
     tgggactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcattc aaccaggat 1800
     tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
     tcaaaaaaaaaaaaaaaa 1874

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

- 60      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
           (A) LÄNGE: 687 Basenpaare  
           (B) TYP: Nukleinsäure  
           (C) STrang: einzel  
65           (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 13 839 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA.

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaagtgc ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcg  ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120 25
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcaccccagac accctgaacc agggggaaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgaaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaaatgca gacaaggcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360 30
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc ccttaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cgccccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaaac cagggccccg gggctgtta tgtcaaactg tctggctgt ggggcttaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccaccttt 660 35
ctgcaagcct gcctttccag gggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

5	gagcaacgcgt ggagcatcccc gctctggtgtc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca tttcccgct gttgccttc cttctgcctt tccttctgtatggctgcg ccccaaataatc ggaaaatgtgtccagtgggtgtgtacatcaactgttca gtttcctggg aaagtagtt tggtcacagg agctaataca ggtatcggttggaggagacagc caaagagctg gtcagagag gagctcgagt atatttagct tgccggatgt tgaaaaagggg ggaattgggtg gccaaagaga tccagaccac gacaggaaac cagcagggtgt tggtgcggaa actggacactg tctgatact agtctattcg agctttgtct aagggtttct tagctgagga aaagcacccac cacgtt tcaacaatgc aggagtgtatg atgttgttgcgt actcgaagac agcagatggc tttagatgc acataggagt caaccacttg ggtcaacttcc tcctaaccctt cttgtctgtt gagaactaa 15 agaatcagc cccatcaagg atagtaaatg tgtctccctt cgcacatcac ctggaaagga tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggccctggcc tactgtcaca gcaagcttagc caacatcctt ttcacccagg aactggcccgg gagactaaaa ggctctggcg ttacgacgttac tacac cctggcacag tccaaatctgtactgggttgcgtt cactcatctt 20 tcatgagatgtatgttgttgg cttttctccctt ttttcatcaa gactcctcag caggagagcc agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcattca gtgactgtca tggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcg tggtggacgttacatgtac cttgtgtac ctgctggcc tccaaataga ctaacaggca 25 gacccaaagagaagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatgtt ttctccctcal080 agttttcaaacctttagc acaaagagag caaaaccttgc cagccttgc tgcttggtgtl140 ccagttaaaaatctcagtgatc tgccagatttgc tctaaatgtt ctgtcatgtc cagatttactl200 ttgcttctgttactgcca gttacttagat atatcataat aggataagaa gaccctcatal260 30 tgacctgcac agtcattttt cttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320 agcaggatgatttatgcaat ttttgacta gcttctttgtt tccacaattca gttccctccal380 accaaccagtctcacttca agagggccac actgcacactt cagcttaaca tgaataacaal440 agactggctcaggagcagggttgcacaggcatgggttgcgttccagcaccggagtc aagtagttcal500 agaccagcct ggcacatcg tggaaacc 1528
---	--

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 904 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE· NEIN

ss (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 13 839 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggccctcct gcagtgaatg ctcccttccat tcctgtactc 60      5
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggcttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaacccctt 180
catcatgata tcctgtggat taaaaaactc taattccatg tttcttccc atctgccta 240
tatatatctcat caccctgctt atcaaatattc agtttgcata gcaactattaa ctaaaaatatg 300      10
aaacttaaaa acaaaggcaaa gttgtcctta aaagttctt ttttaagtaa attgttgcaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgcctc ctgctgttai ctgtgaagct cagggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtt tacagccaaa agaaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tattttttc tctgttaatat ttttattggc 540
tcataaaagat gtttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600      15
acaaaatact ttttaggttag ccatgcttga gacttttaa aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgcccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atgggtctt cagaatttgc ggcattttct gaatcttaggc 780
aaatccctt tttaccctt gaatgttttgc aatgccttgc ctctaccaggc gcccataaaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caacttttggaa aggtaaaac 900      20
ccccg                                     904

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

25

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

..

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAAG GEADMDFLRN LFSQTLISLGS 60      50
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFKA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR                                         212

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIIILP

29

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

20 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

40

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

50

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

65

DE 198 13 839 A 1

SNLVVVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

5

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

⋮  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

25

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

⋮  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

I PEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRLKYSI KVH 113

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

60

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60  
20 AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60  
50 DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW 120  
SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLALLY SAFGVIIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180  
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60 10  
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:

15

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

35

NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGPGMNI 60

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

65

DE 198 13 839 A 1

ASRGAEQDGG ASAARPERRW AGGLLQ<sub>9</sub>AAP C<sub>10</sub>LLPRLRTW TS3SNRSRED SWLKSLFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120  
WNTWYGEQDDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGBTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
SRIPGVWPWF KPLQEAEACTF 80

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTGEC 60  
GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

65

DE 198 13 839 A 1

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60  
LETYGAELTA NVIRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120  
ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180  
LRESQSYLVE DLERS 195

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

20

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

40

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRG A QEVQAEAAVG 60  
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

45

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

65

# DE 198 13 839 A 1

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60  
SRP 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren 10
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 20
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 25
- :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APICSGFRAG HACGTGTQPQ 60  
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren 35
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear 40
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 45
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 50
- :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

55

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

DE 198 13 839 A 1

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP: ORF**

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVILTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

## 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40  
(vi) HERKUNFT:  
      (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLLLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 13 839 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60  
V 61 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60  
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120  
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKGHTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180  
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQQLQN 240  
CTEPGEQPSP KQEVLWANG AESRGLRVCE DGPVFYPPP KTKH 234 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEF\$IIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60  
VGF 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- 10 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

30 SFCLVVLHGL GLKIIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNPLT HFKT 74

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60 FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60  
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- 65 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

CHLNLTLMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG	60
ISGICFLAVF STFLPPW	77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

25

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

45

TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT	60
LYSAMGYGSY LVVKELGGFTK KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLVS	120
GAAAALPWPG TR	132

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

- 5 :  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60  
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWGKS WEASQRLW 120  
PWASTLGSWP 130

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- 20 (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

29 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60  
TOLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNMMS GVNNNTKKWKM EFDTTRERWEN 120  
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180  
TRVSTK 186

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- 50 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

59 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKFAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60  
 TPSSLSTDTP LTGT PCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106 5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

10

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

30

GSRPFTNP AR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKT VQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60  
 ETDHLFDLSR RFIDLRFVVIIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120  
 PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180 35  
 DTTAEQRRT E RKAPKKKLPO KKEAEKP AVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240  
 KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCGGTVM 300  
 RHWPGLVC 308

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

40

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

55

## (vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

60

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPPSPSQQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60  
 IGKGSGFGKVL LARHKAEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120 65  
 FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180

DE 198 13 839 A 1

KPENILLDSQ GHIVLTDGL CKENIEHNST ISTFCGIPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240  
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300  
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFM PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360  
5 SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 10 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 TD SER GDPSE QTR PWR PPCA LTMAMHFIFS DT AVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLAV 60  
LY EG IKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120  
IH VIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVV LG SAVGYYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 40 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

60 GL PLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NL CCPVTVTM QLRNPELHLG 60  
CAL ALRFLAL VSWDIPGARA LD NGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP D SCISEKLFME 120  
MAELMVSEG W KDAGYEYLCI DDCW MAPQRD SE GR LQADPQ RFP HGIRQLA NYVHSKGLKL 180  
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WG VDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240  
NRTGRSIVYS CEWP LYMWPF QKP NYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIIKS IL DWTSFNQE 300  
65 RIVDVAGPGG WN DPDM LVIG NF GL SWNQQV TQM ALWAIMA APLFMSNDLR HIS PQAK ALL 360

DE 198 13 839 A 1

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE KPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420  
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSWINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDE KPVSLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60 30  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

65

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60  
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

30

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

50

FFFFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60  
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

60

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLOMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG	60	10
TRGPRGCGTG PGTVRHV		77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

15

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

35

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF	60
DFSVSFVLQI RCPNK	75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

60

DCEDLQAGFS PLESQQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW	60	
PEGLWNNSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK	103	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 5 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: QRF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPLRSAPPS RGARGTMADP RVROQIKITG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60  
EKIEKMRRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEYY 120  
KEARLVLVDSC KLEA . 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- 35 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60	PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAVERA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120	RPKELSEARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAAP WKIPAGTPRS P 171
--	---	---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

60

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein

65

DE 198 13 839 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRSTSRP SRQCGPGRAS GGPSCPCKPP GAPSLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60  
VLHVVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGRR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120  
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLPL SVLQTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRRL NQEASLVPKG 180  
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240  
PPLRCSA 247

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKNNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60  
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120  
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIA NSLVMQPISQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180  
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANITSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMRNPAP ESLMQALEDL 240  
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300  
PHGAEAAAALT CWKTFHLPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360  
MADVIRAEELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420  
HKQVAQLHPL SGYSITKHM PEWVLFHKFSL SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480  
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:118 :

60

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

20 MAGRRVGAEP GPEVERWWR RRLWQLGTEC KNQHDSSEAL QVLLCHSVSR LSPFAEEHWC 60  
YSSCI 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH; ja

(vii) HERKUNFT:

**HERKUNFT:**

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVS VH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60  
VDASSEYQQE LERELFKLKO MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

ss (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR	60	
GVGGSSY	67	10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

15

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

35

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL	60	
QREKEFKAKE AAALCSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE	120	
IHENYRING	129	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :

40

- (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

60

65

DE 198 13 839 A 1

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60  
AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPPLLGLQQ 120  
LLNPLRLTSH GGSDSESKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- 10 (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLIWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60  
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120  
YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLIVIVAKA SRTEL 175

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 40 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60  
RTEGPGPSWL PTASQFPPLPA ELFWTQDRRS GGTKRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPEGSAL 120  
IGLETFFSGF SPGGRPFKLN LRK 143

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

65

DE 198 13 839 A 1

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPDKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSFTG 60  
DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAWTQL 90

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

50

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYLM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60  
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120  
TDKIDRYAQOQ DL 132

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLPTC 60  
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCCLS SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 20 (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

45 VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60  
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120  
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180  
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240  
50 VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300  
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKQLCELSC STDYRMR 357

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 13 839 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGGMNGC 60  
SPLLFPPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 10  
GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWIILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPGQVL TLRLMRGPLP VSPILSSREV 120 65

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEPV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60  
HFSRPFLRVW GEHLPRTOQYG GNRQGSPHQP QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSKLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 60 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60  
 GHLCGCGHQA WD 72

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

20

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSIWLWA PGMLSPCILL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRQLSQTG 60  
 QGGFGMT 67 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

50

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

55

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

5 GCACGRATAAE AARETTRRSR KMTRRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 15 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLLL GWSPNHSLFV KAELTAKQAT MKLSVCILLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
LLDFFFISEP LFKLSSLAKFD APPEAVAALK GVKRCTDQMS LQKRSLLAEV LVKILKKCSV 120

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

- 40 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

60 LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTLFFLK FFLFLNLIMI LGHDHSVFSMT VASTRTRSFP 60  
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

65

# DE 198 13 839 A 1

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCYL NLREADQREA 180  
APGPEGLRML WIHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren 10  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15

(iii) HYPOTHETISCH: ja 20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKV NEMIVTGQYG RLFAVVVFAS 120 30  
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK 180  
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren 40  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYQ MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
WRPRSLVIVW RQNSWLRLGG WYSSQRSMVN RGSMILGSVEK SLGLRNPEGE DNKFVPTLRA 120 60  
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAALKEL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
C 181

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- 5           (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
10           (D) TOPOLOGIE: linear

15           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15           (iii) HYPOTHETISCH: ja

20           (vi) HERKUNFT:  
             (A) ORGANISMUS: MENSCH

25           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

25           STWRQEIQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRKFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQQDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120  
LKEELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL                           168

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- 35           (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

40           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45           (iii) HYPOTHETISCH: ja

50           (vi) HERKUNFT:  
             (A) ORGANISMUS: MENSCH

50           ;

50           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

55           TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSSRSRN 60  
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNSKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120  
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SKEQHKNKD ETV                           153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- 65           (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60  
 I KMKVKKNQI NEVEAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120  
 QTNMIVEGAK V 131

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

I FLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60  
 FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120  
 IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15  
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVLDPTDGK LPFSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60  
EYWDLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120  
GQKKKNMNT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN\*

20  
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- 25  
: (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30  
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35  
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

40  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

50  
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60  
HIMEDLDTNA DKQLSFEIFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

55  
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- 60  
: (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65  
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

70  
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

75  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

80  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPCIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60  
 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120  
 SIRAFAKGFL AEEKHLHVLN NNAGVMMCPSK TADGFEMP IGVNHLGFL LTHLLLEKLK 180  
 ESAPSRIVNV SSLAHHLGRI HFHNLLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSV 240  
 TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300  
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR IC LDSEMRYN SEDTMAESSR 60  
 GVGSSY 67

35

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63 und 67, 68
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

40

45

50

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

- rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 5 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 10 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 15 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 35 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40 35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

45

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

50

55

60

65

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

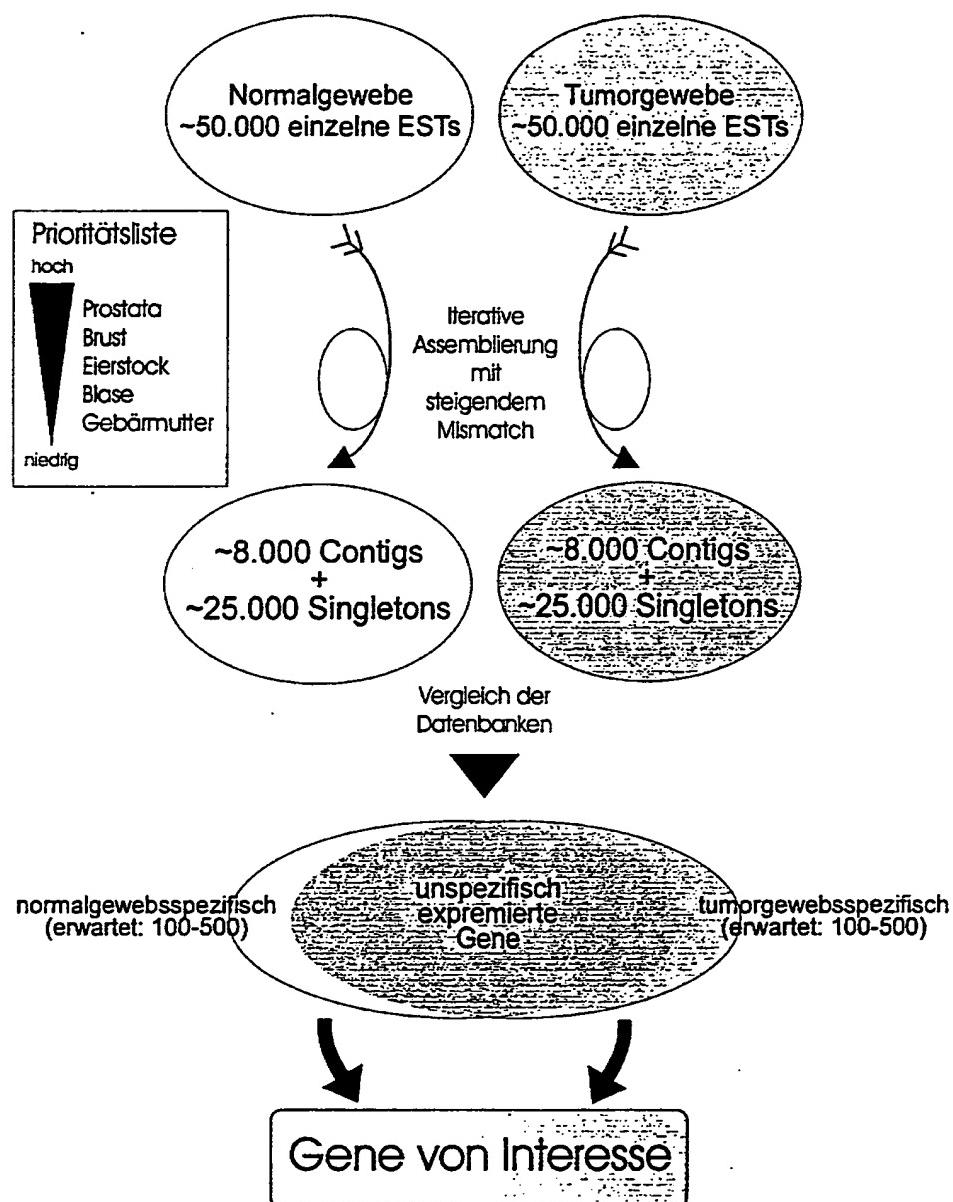


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

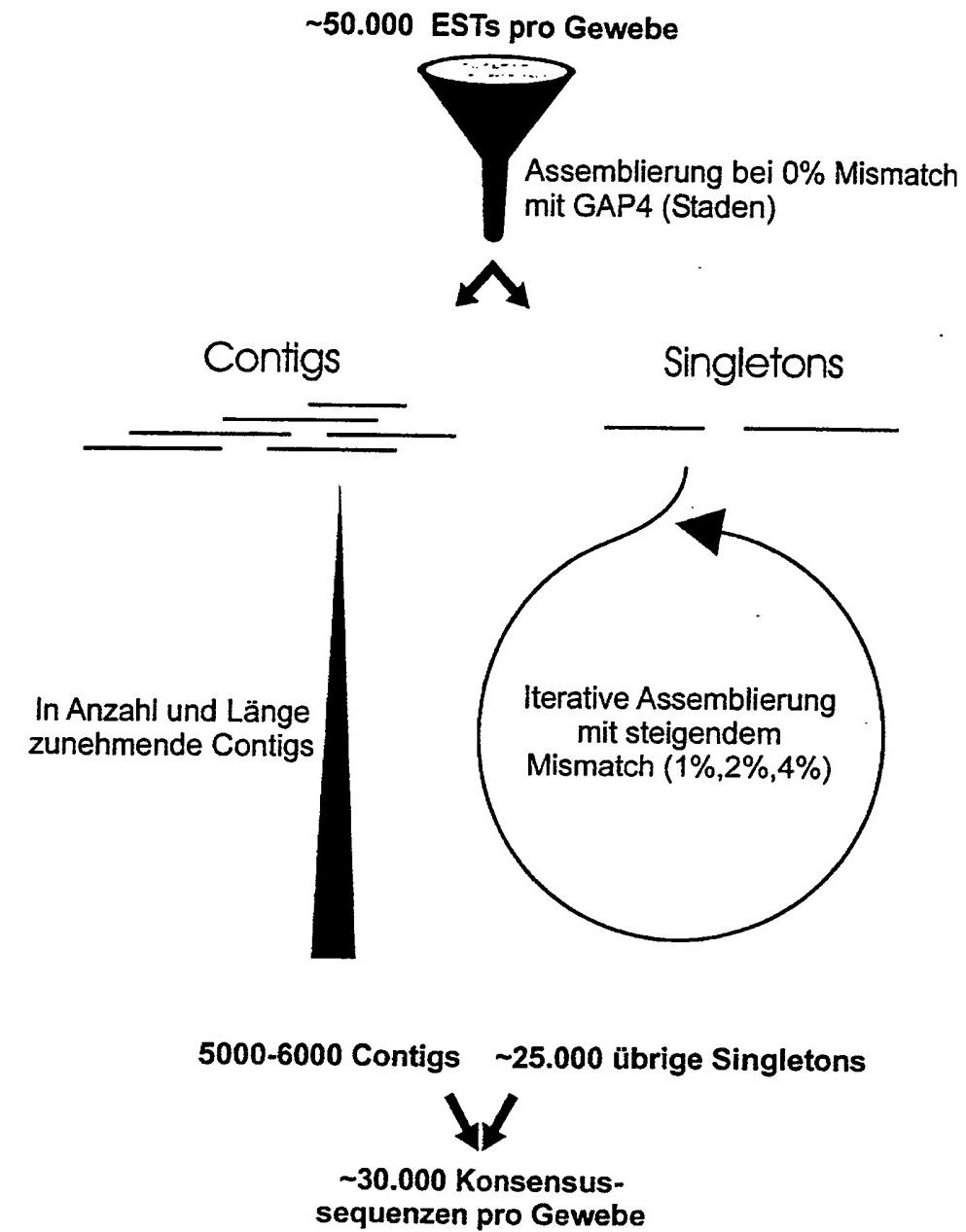


Fig. 2a

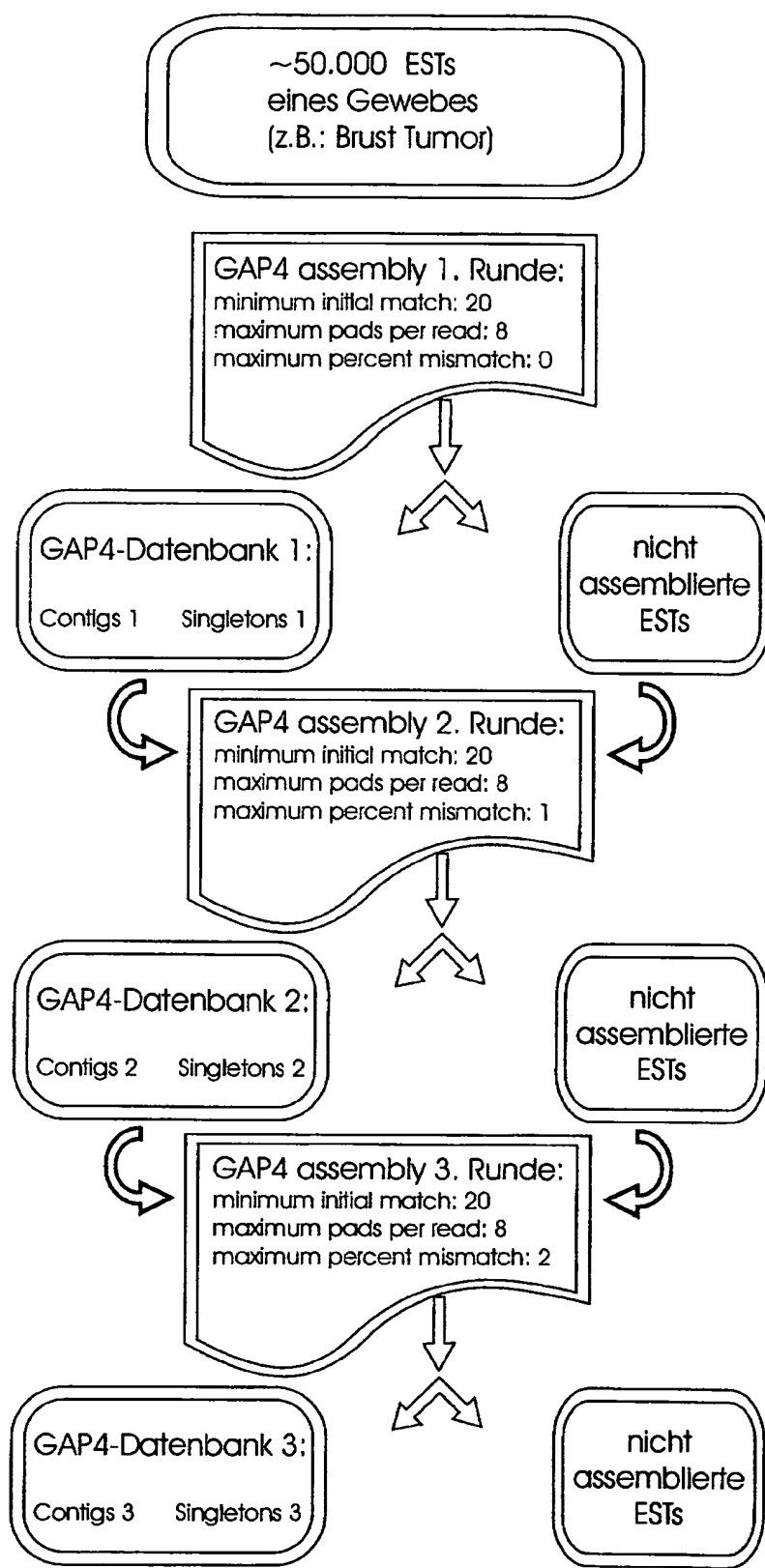


Fig. 2b1

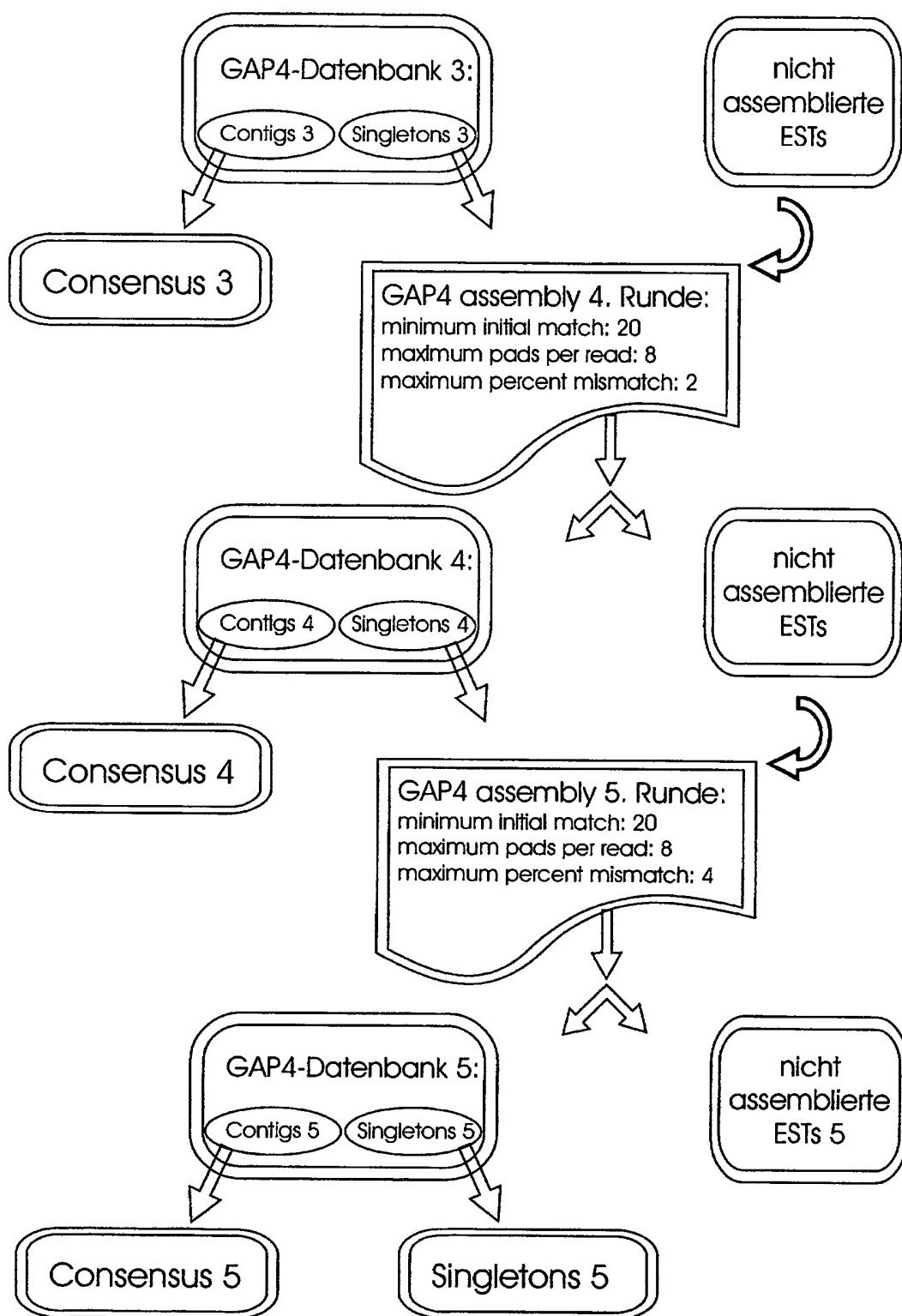


Fig. 2b2

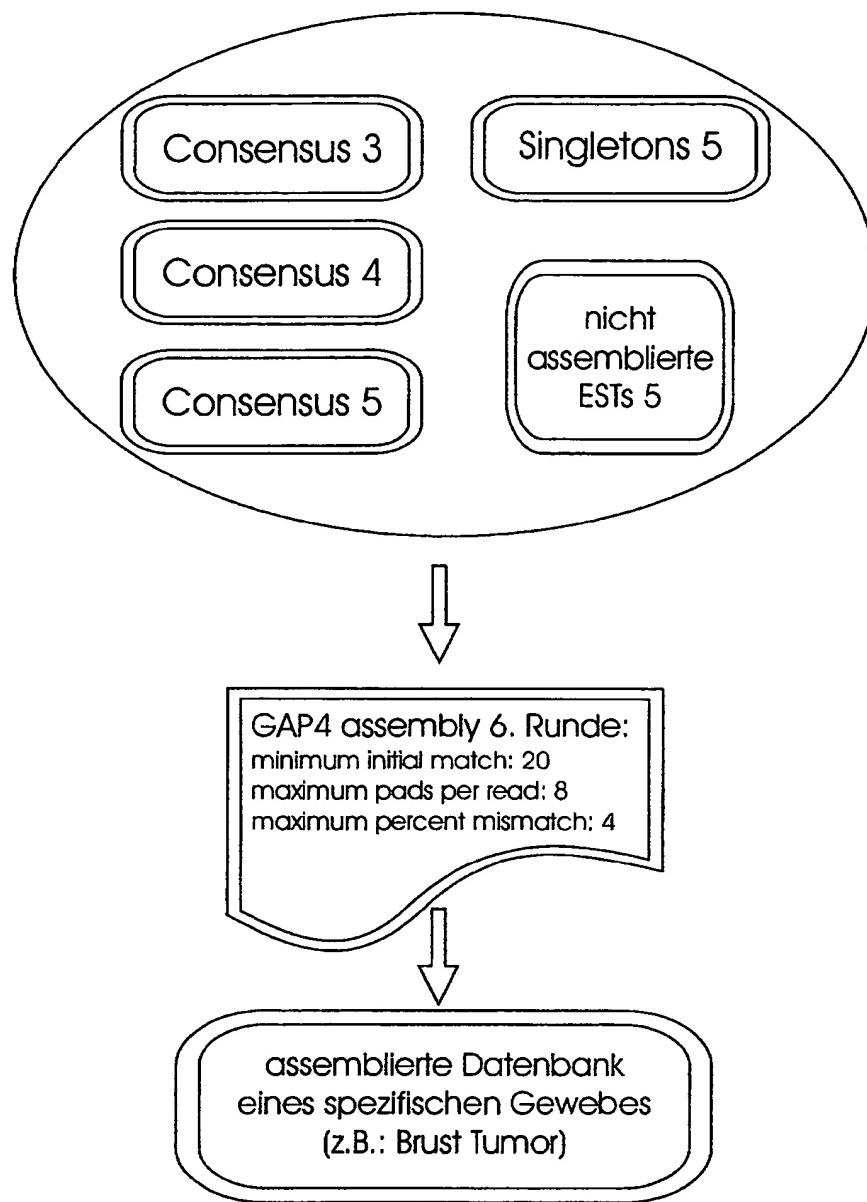


Fig. 2b3

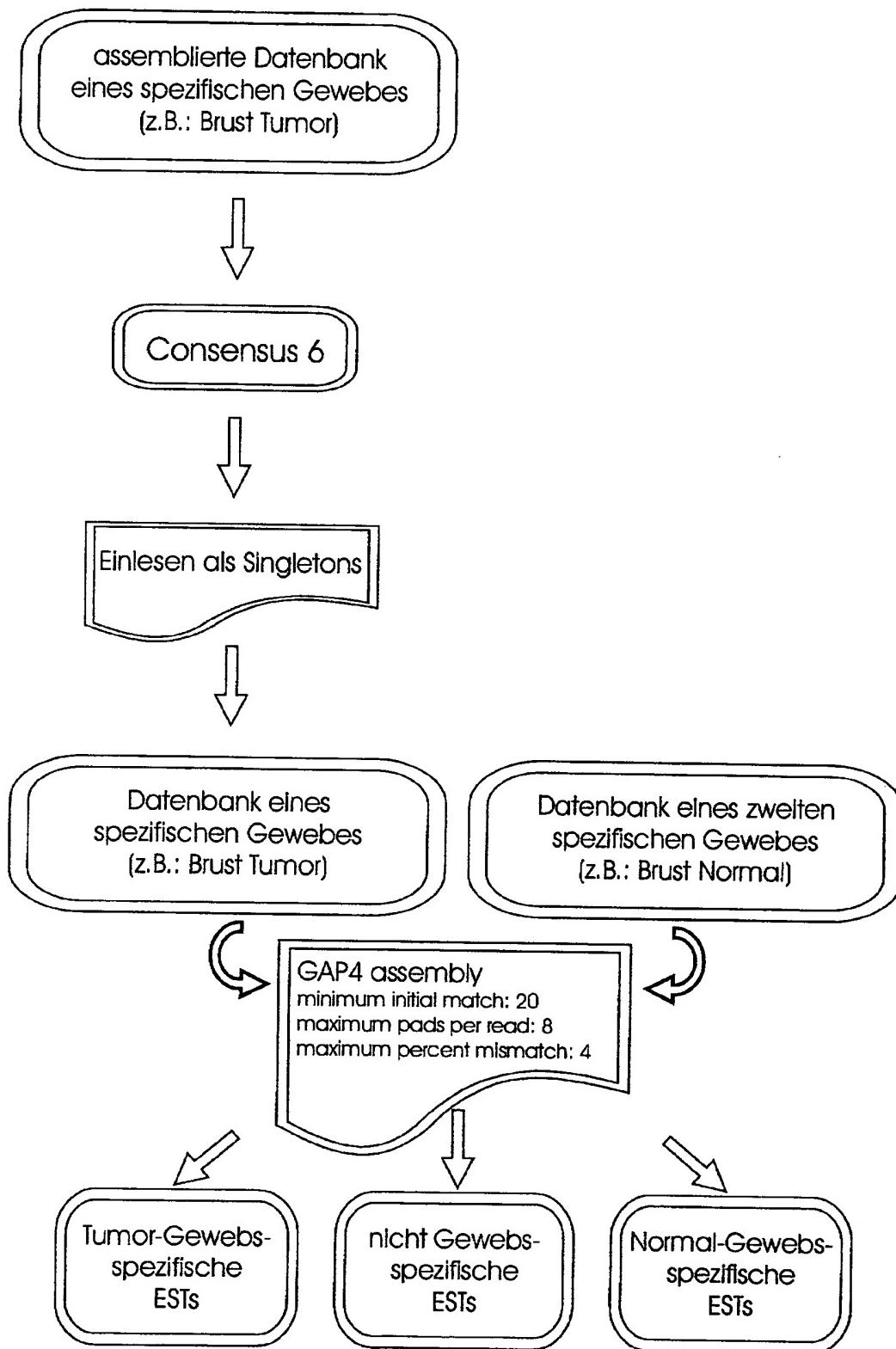


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

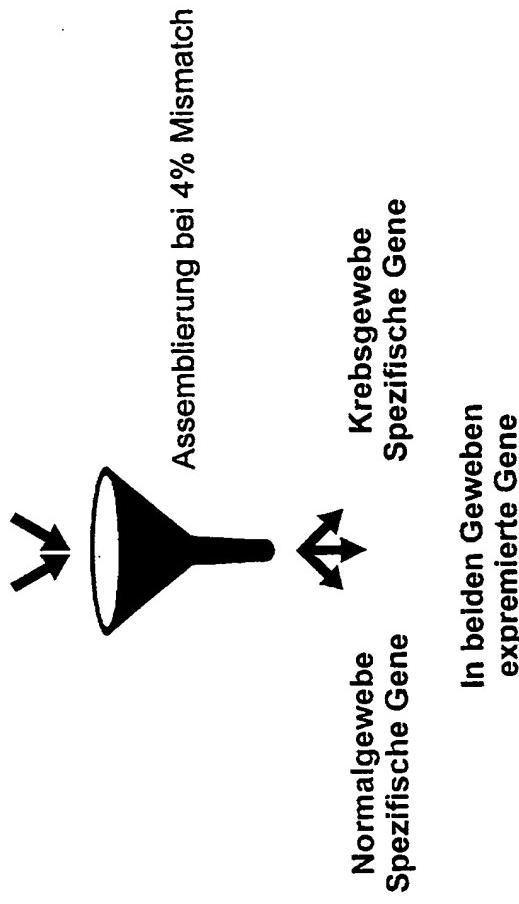


Fig. 3

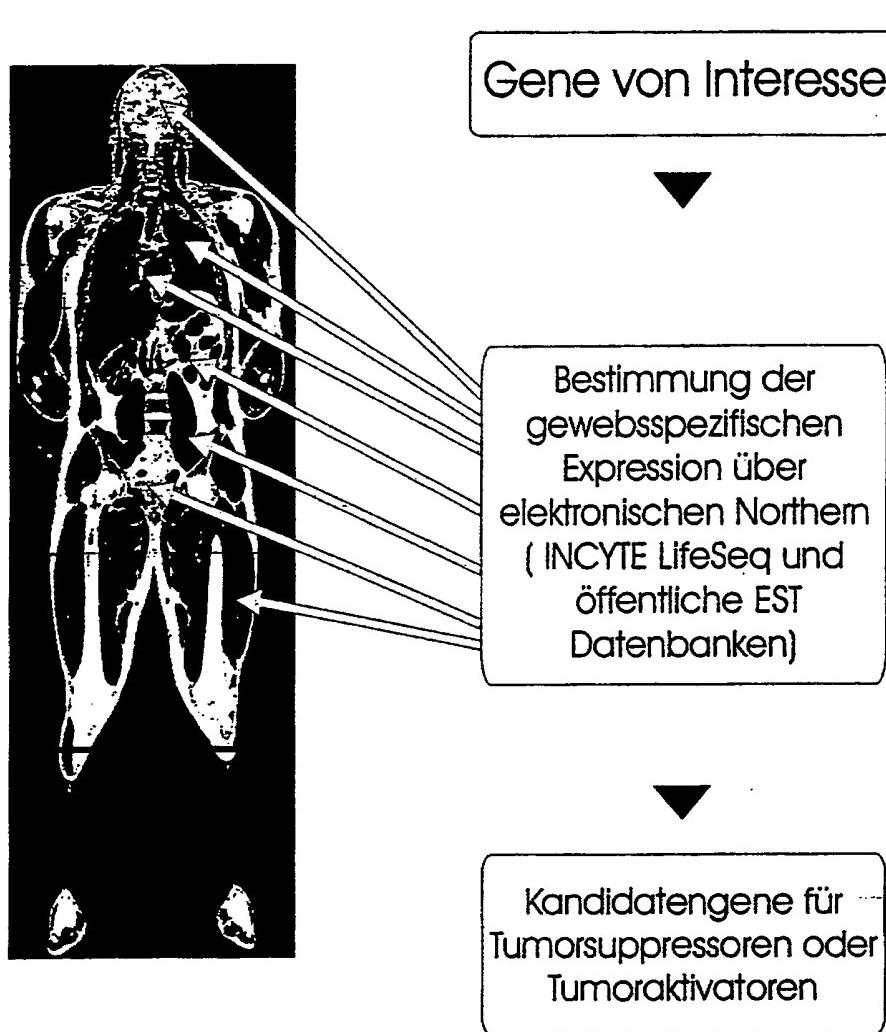


Fig. 4a

BEST AVAILABLE COPY

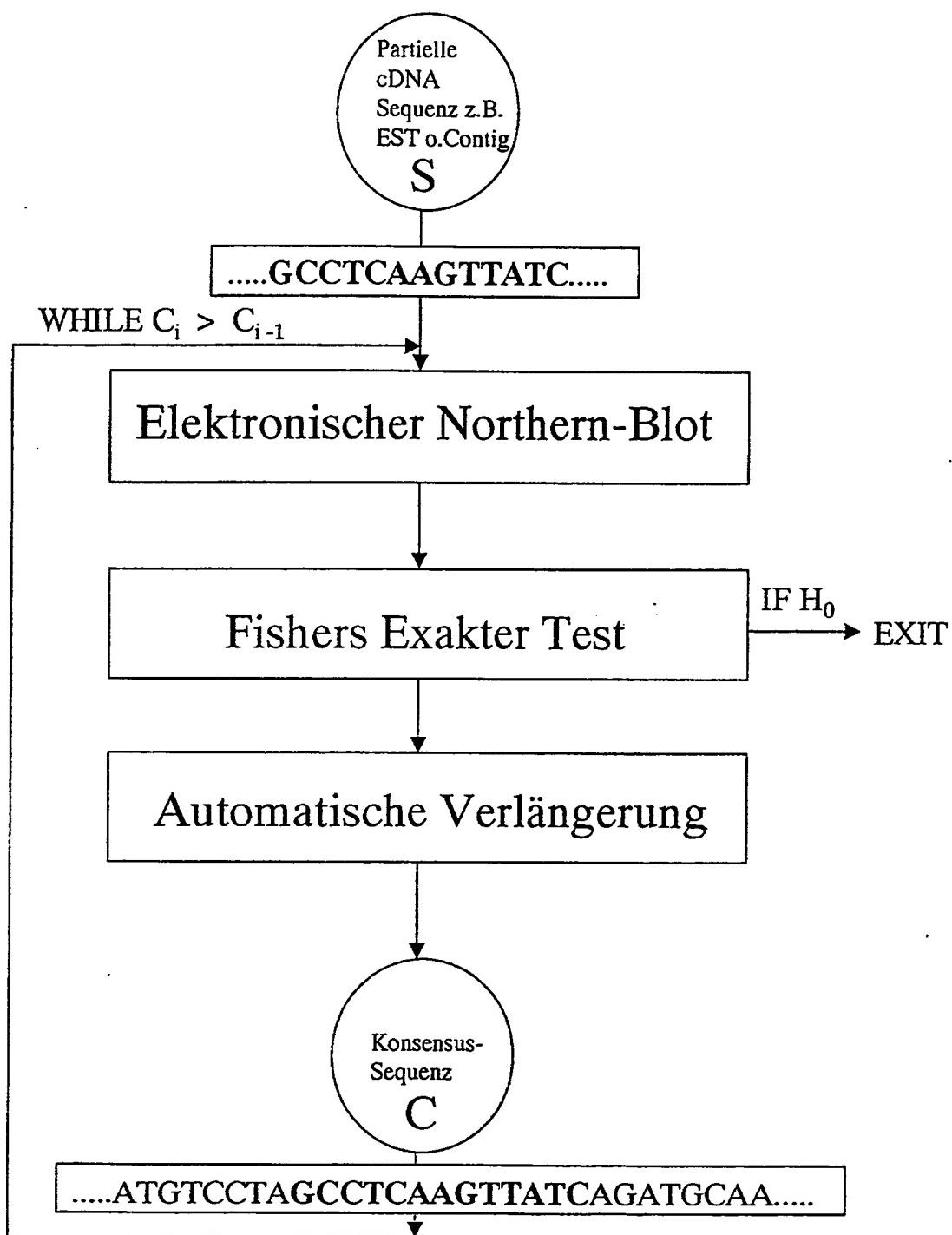


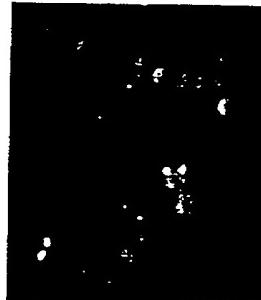
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5